



AF 39-8

①⑨ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 17 946 A 1**

⑤① Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04

②① Aktenzeichen: 198 17 946.4
②② Anmeldetag: 17. 4. 98
④③ Offenlegungstag: 21. 10. 99

DE 198 17 946 A 1

⑦① Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦④ Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦② Erfinder:
Rosenthal, Andre, Prof., Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤④ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterus-Normalgewebe

⑤⑦ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen, mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 946 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-20.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-20 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1-20 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 1-20 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,

lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 5

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird. 10

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 15

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID No. 63-117. 20

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID No. 63-117 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 kodiert werden. 25

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Antikörper aus Phage-Displays zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID No. 63-117 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können. 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 63-117 enthalten. 35

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 40 45

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 50

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. 55

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 60

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %. 65

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank,
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung,
5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung,
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben,
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern,
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern,
Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

- Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen
20 (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N		
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000	5	
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000		
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000		
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686		
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	10	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef		
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779		
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	15	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706		
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	20	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef		
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347		
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	25	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0109	0.0000	undef	0.0000		
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485	30	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000		
Brust-Hyperplasie	0.0032					
Prostata-Hyperplasie	0.0000					
Samenblase	0.0000				35	
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
Zervix	0.0000					
FOETUS						
	%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				40	
Gastrointestinal	0.0028					
Gehirn	0.0000					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut	0.0000				45	
Hepatisch	0.0000					
Herz-Blutgefuesse	0.0000					
Lunge	0.0108					
Nebenniere	0.0254				50	
Niere	0.0000					
Placenta	0.0061					
Prostata	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000				55	
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0272					60
Eierstock_n	0.1595					
Eierstock_t	0.0253					
Endokrines_Gewebe	0.0979					
Foetal	0.0070				65	
Gastrointestinal	0.0122					
Haematopoetisch	0.0000					
Haut-Muskel	0.0162					
Hoden	0.0000				65	
Lunge	0.0000					
Nerven	0.0050					
Prostata	0.0137					
Sinnesorgane	0.0000				65	
Uterus_n	0.0167					

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083
65		

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0089	0.0041	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0128	2.1356 0.4682	5
Brust	0.0320	0.0188	1.7013 0.5878	
Duennndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863 0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887 0.8413	
Gastrointestinal	0.0287	0.0046	6.2125 0.1610	10
Gehirn	0.0037	0.0082	0.4500 2.2223	
Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117 4.7230	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0137	1.0794 0.9265	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0135	0.0102	1.3209 0.7571	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567 1.1673	
Niere	0.0271	0.0205	1.3217 0.7566	20
Pankreas	0.0099	0.0497	0.1994 5.0142	
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0218	0.0234	0.9306 1.0746	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668 0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0250			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0434			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			45
Placenta	0.0303			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0884			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0557			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0157			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0328			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0052	0.0113	0.4582	2.1827
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0954	0.3202	3.1226
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0231
60	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	10
Gehirn	0.0067	0.0082	0.8100	1.2346	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0203				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0025	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0124				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0070				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0017				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0103	0.0144	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
20	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0196	0.0234	0.8375	1.1940
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0456
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0102	0.0150	0.6805 1.4694	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400 1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387 2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388 0.1401	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0067	0.0072	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151	5
Brust	0.0397	0.0169	2.3440	0.4266	
Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0599	0.0312	1.9188	0.5212	
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0226	2.1132	0.4732	
Gastrointestinal	0.0134	0.0416	0.3221	3.1043	10
Gehirn	0.0163	0.0205	0.7920	1.2627	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000	undef	
Herz	0.0159	0.0412	0.3855	2.5941	15
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	
Lunge	0.0114	0.0225	0.5080	1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0360	0.3807	2.6265	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0149	0.0497	0.2991	3.3428	
Penis	0.0449	0.0800	0.5616	1.7807	
Prostata	0.0305	0.0405	0.7543	1.3258	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0480				
Prostata-Hyperplasie	0.0446				
Samenblase	0.0801				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				
Zervix	0.0532				
					35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0639				
Gehirn	0.0250				
Haematopoetisch	0.0472				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0556				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
					50
					55
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0557				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0198				60
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.1253				
Haut-Muskel	0.0745				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				65
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0291				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0557				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0198				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.1253				
Haut-Muskel	0.0745				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0040				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0310				
Uterus_n	0.0291				

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0624	0.0204	3.0509 0.3278	5
Brust	0.0077	0.0000	undef 0.0000	
Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537 0.5395	
Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050 0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0536	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412 0.3400	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	20
Penis	0.1198	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0479	0.0277	1.7323 0.5773	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	3.6474 0.2742	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0139			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			60
Nerven	0.0060			
Prostata	0.0342			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0500			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0376	0.4423	2.2607
	Duenndarm	0.0399	0.0331	1.2049	0.8299
	Eierstock	0.0270	0.0546	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0075	4.5283	0.2208
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn	0.0140	0.0288	0.4885	2.0469
	Haematopoetisch	0.0361	0.0758	0.4764	2.0991
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
15	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
	Niere	0.0516	0.0342	1.5068	0.6637
20	Pankreas	0.0215	0.0221	0.9722	1.0286
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0277	1.6535	0.6048
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.2111	0.2881	3.4714
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1006			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389	5
Brust	0.0179	0.0150	1.1909 0.8397	
Duennndarm	0.0215	0.0165	1.2976 0.7707	
Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147 0.4964	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817 3.5496	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.1695	0.1300 7.6946	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0244	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0468	0.1230 8.1305	15
Lunge	0.0145	0.0143	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133 0.5837	
Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603	
Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846 2.6000	20
Penis	0.0269	0.0267	1.0108 0.9893	
Prostata	0.0392	0.0490	0.8011 1.2483	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559 0.1273	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			30
Zervix	0.0213			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0557			
Gastrointestinal	0.0305			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0354			
Haut	0.5025			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0285			
Lunge	0.0181			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0371			
Placenta	0.0242			45
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0272			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0166	0.0395	0.4213	2.3737
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0329	0.0260	1.2664	0.7897
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0050	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0144	0.5657	1.7678
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
	Herz	0.0148	0.0687	0.2159	4.6324
15	Hoden	0.0575	0.0234	2.4599	0.4065
	Lunge	0.0270	0.0041	6.6045	0.1514
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0307	1.5757	0.6347
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0269			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0107
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0911
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0231
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0125
65		

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0039	0.0153	0.2542 3.9333	5
Brust	0.0115	0.0169	0.6805 1.4694	
Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268 1.0789	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350 0.6515	
Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705 2.6991	
Gastrointestinal	0.0249	0.0093	2.6921 0.3715	10
Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499 0.7408	
Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706 0.6800	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0403	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0123	0.8467 1.1810	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0060	0.0533	0.1123 8.9035	
Prostata	0.0044	0.0192	0.2275 4.3961	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0650			30
Zervix	0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0222			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.1014			
Niere	0.0494			
Placenta	0.0121			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0544			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0280			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0389			
Hoden	0.0077			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138	0.4322
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0312	0.0123	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0613	0.9534	1.0489	5
Brust	0.0307	0.0789	0.3889	2.5715	
Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157	0.7600	
Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423	1.1873	
Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401	1.5623	10
Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071	1.4142	
Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434	1.5543	
Herz	0.0477	0.0825	0.5782	1.7294	
Hoden	0.0518	0.0585	0.8856	1.1292	15
Lunge	0.0602	0.0368	1.6370	0.6109	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0613	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564	0.7373	
Niere	0.0299	0.0479	0.6231	1.6049	
Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113	2.4312	20
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0436	0.0660	0.6604	1.5142	
Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622	6.1662	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0416				
Prostata-Hyperplasie	0.0535				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				30
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0417				
Gastrointestinal	0.0611				
Gehirn	0.0688				
Haematopoetisch	0.0551				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0289				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0556				
Placenta	0.1272				45
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0612				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0786				
Gastrointestinal	0.0732				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0778				
Hoden	0.1080				
Lunge	0.0164				60
Nerven	0.0402				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0387				
Uterus_n	0.0458				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1560	0.0460	3.3899	0.2950
	Brust	0.1113	0.0414	2.6912	0.3716
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0629	0.0416	1.5110	0.6618
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0527	0.6469	1.5458
10	Gastrointestinal	0.0824	0.0139	5.9364	0.1685
	Gehirn	0.0140	0.0585	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0847	1.9927	0.5018
	Hepatisch	0.0904	0.0259	3.4927	0.2863
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0592	0.0286	2.0684	0.4835
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0891	0.1080	0.8249	1.2122
	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
20	Pankreas	0.0248	0.0166	1.4957	0.6686
	Penis	0.0629	0.0267	2.3586	0.4240
	Prostata	0.1700	0.0873	1.9474	0.5135
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.1040			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.1059			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.2150			
	Zervix	0.2555			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0361
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0774
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0741	0.0665	1.1147 0.8971	5
Brust	0.0384	0.0376	1.0208 0.9796	
Duennndarm	0.0307	0.0662	0.4634 2.1579	
Eierstock	0.0389	0.0182	2.1380 0.4677	
Endokrines_Gewebe	0.0715	0.0978	0.7315 1.3671	
Gastrointestinal	0.0268	0.0139	1.9328 0.5174	10
Gehirn	0.1878	0.2331	0.8056 1.2413	
Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352 1.5743	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0761	0.0776	0.9804 1.0200	
Herz	0.0212	0.2474	0.0857 11.6735	15
Hoden	0.1496	0.0351	4.2638 0.2345	
Lunge	0.0229	0.0204	1.1177 0.8947	
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807 0.5950	
Muskel-Skelett	0.1370	0.0600	2.2844 0.4378	
Niere	0.0299	0.0274	1.0904 0.9171	
Pankreas	0.0297	0.0166	1.7949 0.5571	20
Penis	0.0569	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0588	0.0447	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1525	0.0204	7.4818 0.1337	
Uterus_allgemein	0.0407	0.1908	0.2135 4.6839	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0268			
Samenblase	0.2314			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0745			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointestinal	0.0417			
Gehirn	0.0313			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefuesse	0.0071			
Lunge	0.0181			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0371			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0816			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.2025			
Endokrines_Gewebe	0.0979			
Foetal	0.0361			55
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0082			60
Nerven	0.0653			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0542			
Uterus_n	0.0208			65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0537	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0180	0.0208	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0276	0.8027	1.2457
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0214	0.0349	0.6141	1.6284
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
15	Herz	0.0477	0.0412	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0229	0.0143	1.5967	0.6263
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0231	0.0994	0.2327	4.2979
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0610	0.0873	0.6991	1.4305
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.2111	0.4161	2.4032
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0272	3.0862	0.3240
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0954	0.5871	1.7032
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0941			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0583
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1497
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1418
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0210
55	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
60	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0547
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0333
65		

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0819	0.1840	0.4449 2.2476	5
Brust	0.0921	0.0846	1.0888 0.9184	
Duennndarm	0.1380	0.0496	2.7805 0.3596	
Eierstock	0.0419	0.0937	0.4477 2.2336	
Endokrines_Gewebe	0.0613	0.0301	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.1092	0.0694	1.5738 0.6354	10
Gehirn	0.0554	0.1910	0.2903 3.4446	
Haematopoetisch	0.1911	0.3030	0.6308 1.5853	
Haut	0.1065	0.2542	0.4188 2.3880	
Hepatisch	0.0523	0.0776	0.6740 1.4836	
Herz	0.0244	0.1649	0.1478 6.7673	15
Hoden	0.0633	0.0819	0.7731 1.2935	
Lunge	0.2846	0.1718	1.6572 0.6034	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.4140	0.0700 14.2797	
Muskel-Skelett	0.2330	0.1020	2.2844 0.4378	
Niere	0.0570	0.1232	0.4626 2.1617	20
Pankreas	0.0380	0.2816	0.1349 7.4124	
Penis	0.0299	0.3466	0.0864 11.5745	
Prostata	0.0676	0.0468	1.4424 0.6933	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.1055	0.5761 1.7357	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0713			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.1529			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2229			30
Zervix	0.0319			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0278			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.1376			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0107			
Lunge	0.0145			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0545			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.4354			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	1.1088			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0344			
Gastrointestinal	0.0732			
Haematopoetisch	0.0228			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0655			
Nerven	0.0221			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.1703			
Uterus_n	0.0167			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0136	7.2947	0.1371
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926	5
Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307	1.2038	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0550	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
Zervix	0.0106				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0844	1.0170	0.9833
	Brust	0.0972	0.1053	0.9236	1.0828
	Duennndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1677	0.0676	2.4796	0.4033
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0843	0.1573	0.5360	1.8657
	Gehirn	0.0791	0.1171	0.6758	1.4798
	Haematopoetisch	0.1043	0.0758	1.3762	0.7266
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0285	0.1423	0.2005	4.9866
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0460	0.1286	0.3578	2.7949
	Lunge	0.0582	0.0634	0.9177	1.0896
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0920	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0702	0.1500	0.4683	2.1354
20	Niere	0.0380	0.1232	0.3084	3.2425
	Pankreas	0.0578	0.1988	0.2908	3.4383
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1351	0.1277	1.0577	0.9454
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.1579	0.1908	0.8273	1.2088
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1367			
	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0850			
	Zervix	0.0958			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.1138
	Gehirn	0.1439
	Haematopoetisch	0.0472
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0939
	Nebenniere	0.0761
45	Niere	0.1112
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0889
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	5
Brust	0.0230	0.0150	1.5312	0.6531	
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555	
Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304	4.3405	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0229	0.0286	0.7983	1.2526	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755	
Niere	0.0109	0.0411	0.2643	3.7829	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0416				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1119				30
Zervix	0.0319				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0520				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0217				
Nebenniere	0.1268				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0121				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0272				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0146				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0929				
Uterus_n	0.0250				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583	5
Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042	
Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390	10
Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900	1.4494	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016	20
Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286	
Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				
Samenblase	0.0623				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0051				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1418
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0690	0.6780	1.4750	5
Brust	0.0153	0.0113	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.2417	0.1489	1.6236	0.6159	
Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0710	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.4430	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0686	0.0470	1.4578	0.6859	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918	
Niere	0.0299	0.0411	0.7270	1.3756	20
Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857	
Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.1547	0.0596	2.5956	0.3853	
Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1143	0.0340	3.3668	0.2970	
Uterus_allgemein	0.0611	0.5725	0.1067	9.3678	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.1962				
Samenblase	0.2492				
Sinnesorgane	0.0588				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.2768				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0438				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0667				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0340				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0328				60
Nerven	0.0512				
Prostata	0.0547				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0435	0.0244	1.7798	0.5618
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0140	0.0092	1.5199	0.6579
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
15	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0180	1.2374	0.8082
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0204	4.1150	0.2430
25	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0303
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.2585
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0421
60	Hoden	0.0463
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.2168
65	Uterus_n	0.0291

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833	5
Brust	0.0473	0.0207	2.2890	0.4369	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0226	0.5283	1.8928	
Gastrointestinal	0.0211	0.0231	0.9112	1.0975	10
Gehirn	0.0067	0.0246	0.2700	3.7039	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0343	0.0020	16.7651	0.0596	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0420	0.4895	2.0428	
Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305	20
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686	
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0458	0.0426	1.0748	0.9304	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.1908	0.0801	12.4905	25
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0720				30
Zervix	0.0319				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0181				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0502				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0748				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0735				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0060				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0217	0.0226	0.9641	1.0373
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0338	0.3542	2.8230
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0150	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0046	4.1417	0.2414
	Gehirn	0.0155	0.0216	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
15	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0364	0.0143	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0470	0.9551
	Niere	0.0217	0.0411	0.5287	1.8915
20	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0120	0.0533	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0349	0.0213	1.6378	0.6106
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0325
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0618
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0239
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944	5
Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265	
Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0060	0.0130	0.4605	2.1715	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0185	0.0267	0.6923	1.4445	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791	15
Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004	
Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0106				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0111				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0236				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0534				
Lunge	0.0145				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0364				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0136				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0557				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0105				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0130				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0080				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0234	0.8954	1.1168
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0231	0.1657	6.0362
	Gehirn	0.0126	0.0175	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
20	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0068	11.2227	0.0891
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0506
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0292
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0312	0.0179	1.7434 0.5736	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750 1.1429	
Duennndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350 0.6515	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal	0.0134	0.0278	0.4832 2.0695	10
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760 1.7362	
Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470 4.0483	
Haut	0.0220	0.0847	0.2599 3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0117	0.0412	0.2827 3.5374	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	15
Lunge	0.0052	0.0102	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983 1.6714	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0128	0.6824 1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			30
Zervix	0.0319			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0139			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0182			45
Prostata	0.0748			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0810			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0488			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0309			
Lunge	0.0164			60
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17.946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0383	0.9153	1.0926
	Brust	0.0499	0.1165	0.4281	2.3360
	Duennndarm	0.0491	0.0331	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0629	0.0728	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0100	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0383	0.1110	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0347	0.0339	1.0254	0.9752
	Haematopoetisch	0.0401	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649
	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403	1.1900
	Herz	0.0254	0.0550	0.4626	2.1618
15	Hoden	0.0748	0.1052	0.7106	1.4072
	Lunge	0.0384	0.0613	0.6266	1.5960
	Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0613	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0360	1.4753	0.6778
	Niere	0.0299	0.0753	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0083	0.0828	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.1066	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0068	13.4672	0.0743
25	Uterus_allgemein	0.0917	0.0954	0.9607	1.0409
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0823			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.1114
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0179	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0153	0.0075	2.0416	0.4898	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778	
Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365	10
Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509	1.1753	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600	
Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	15
Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008	
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0426				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.1224				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0759				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0058				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0120				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0333				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933 0.1788
	Brust	0.0217	0.0432	0.5030 1.9881
	Duennndarm	0.0307	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147 0.4964
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0276	1.1115 0.8997
10	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319 1.0731
	Gehirn	0.0192	0.0257	0.7488 1.3355
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0129	3.3088 0.3022
	Herz	0.0223	0.0137	1.6190 0.6176
15	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0374	0.0348	1.0758 0.9295
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0540	0.5076 1.9699
	Niere	0.0353	0.0068	5.1548 0.1940
20	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963 0.7714
	Penis	0.0509	0.0533	0.9547 1.0475
	Prostata	0.0262	0.0277	0.9449 1.0583
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279 0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288		
	Prostata-Hyperplasie	0.0327		
	Samenblase	0.0801		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191		
	Zervix	0.0213		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0472
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0780
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0494
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0171
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0464
65	Uterus_n	0.0458

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.4367	0.1227	3.5594	0.2809	5
Brust	0.0256	0.0320	0.8006	1.2490	
Duennndarm	0.1104	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0569	0.0260	2.1874	0.4572	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.1150	0.0139	8.2834	0.1207	10
Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168	
Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133	
Herz	0.0763	0.0412	1.8503	0.5404	
Hoden	0.0748	0.0117	6.3957	0.1564	15
Lunge	0.0416	0.0245	1.6934	0.5905	
Magen-Speiseroehre	0.1546	0.0690	2.2409	0.4462	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0360	0.6663	1.5009	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	
Pankreas	0.0017	0.1657	0.0100	100.2850	20
Penis	0.2605	0.0800	3.2571	0.3070	
Prostata	0.1242	0.1256	0.9889	1.0112	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.3201	0.1087	2.9459	0.3394	
Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0951				
Samenblase	0.3382				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0295				30
Zervix	0.1278				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0805				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0275				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0361				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0309				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0272				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0304				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0854				
Haematopoetisch	0.0228				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0491				60
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0410				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.1582				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0613	0.8263	1.2102	5
Brust	0.0294	0.0395	0.7453	1.3417	
Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233	0.9772	
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624	2.7594	10
Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261	1.9007	
Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353	1.3600	
Herz	0.0435	0.0275	1.5805	0.6327	15
Hoden	0.0230	0.1637	0.1406	7.1142	
Lunge	0.0623	0.0716	0.8709	1.1482	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017	
Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363	20
Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431	4.1143	
Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457	21.8583	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				
Samenblase	0.1513				
Sinnesorgane	0.1176				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0121				
Zervix	0.0213				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust	0.0205	0.0132	1.5555	0.6429
	Duennndarm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0100	0.5094	1.9630
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0244	0.0825	0.2955	3.3836
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0478	0.0307	1.5580	0.6419
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1233	0.0120	10.2798	0.0973
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0066	0.0497	0.1330	7.5214
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0356			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0268
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0975	0.0256	3.8136 0.2622	5
Brust	0.0090	0.0263	0.3403 2.9389	
Duennndarm	0.0491	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0291	0.0164	1.7781 0.5624	
Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0153	5.0421 0.1983	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0153	0.0064	2.3885 0.4187	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0297			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0017			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0222				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0121				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0126				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0204				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0456				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0058				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				60
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0232				
Uterus_n	0.0208				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.1074	0.5085	1.9666
	Brust	0.0563	0.0470	1.1977	0.8349
	Duennndarm	0.1380	0.0331	4.1708	0.2398
	Eierstock	0.0539	0.0650	0.8289	1.2064
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1758	0.7520	1.3297
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072	1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1652	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133
	Herz	0.1166	0.1649	0.7067	1.4150
15	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.1049	0.1329	0.7894	1.2668
	Magen-Speiseroehre	0.1353	0.0613	2.2059	0.4533
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555	0.3502
	Niere	0.0570	0.0753	0.7570	1.3210
20	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108	9.0256
	Penis	0.0749	0.0267	2.8079	0.3561
	Prostata	0.0610	0.0234	2.6056	0.3838
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179	0.3427
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0588			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.1810			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0309
60	Lunge	0.1802
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0663	0.0792	0.8365	1.1954	5
Brust	0.0780	0.1259	0.6196	1.6140	
Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0449	0.0260	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0664	0.0853	0.7791	1.2835	
Gastrointestinal	0.0805	0.0370	2.1744	0.4599	10
Gehirn	0.0407	0.0924	0.4400	2.2729	
Haematopoetisch	0.0495	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0734	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.1165	0.2042	4.8960	
Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441	
Hoden	0.0403	0.0585	0.6888	1.4519	15
Lunge	0.1184	0.1329	0.8910	1.1223	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0997	0.5818	1.7188	
Muskel-Skelett	0.0634	0.0660	0.9605	1.0411	
Niere	0.0679	0.2396	0.2832	3.5307	
Pankreas	0.0182	0.0939	0.1936	5.1662	20
Penis	0.0180	0.1333	0.1348	7.4196	
Prostata	0.0501	0.0681	0.7357	1.3592	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0068	8.9781	0.1114	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0327				
Samenblase	0.0979				
Sinnesorgane	0.0706				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1665				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0250				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0520				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0253				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0247				
Placenta	0.0121				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0476				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0608				
Endokrines_Gewebe	0.0490				55
Foetal	0.0204				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.1392				
Nerven	0.0171				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0619				
Uterus_n	0.0250				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0409	0.3814	2.6222
	Brust	0.0243	0.0376	0.6465	1.5468
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0286	0.7326	1.3650
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0370	0.8801	1.1362
	Gehirn	0.0207	0.0534	0.3877	2.5795
	Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0551	0.0275	2.0045	0.4989
15	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0436	0.0552	0.7903	1.2654
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0660	0.3894	2.5681
	Niere	0.0136	0.0342	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0099	0.0276	0.3590	2.7857
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1068			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0486			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0393
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0658
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0204
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0454
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0716	0.7082	1.4119	5
Brust	0.0895	0.0827	1.0827	0.9237	
Duennndarm	0.0583	0.0331	1.7610	0.5679	
Eierstock	0.1587	0.1509	1.0520	0.9506	
Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0677	0.8553	1.1691	
Gastrointestinal	0.0747	0.1619	0.4615	2.1668	10
Gehirn	0.0377	0.0791	0.4769	2.0971	
Haematopoetisch	0.0762	0.0758	1.0057	0.9943	
Haut	0.0477	0.4237	0.1126	8.8784	
Hepatisch	0.0190	0.0841	0.2262	4.4200	
Herz	0.0689	0.0550	1.2528	0.7982	15
Hoden	0.0288	0.2105	0.1367	7.3174	
Lunge	0.0499	0.1063	0.4690	2.1324	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0343	0.0960	0.3569	2.8016	
Niere	0.0652	0.1164	0.5598	1.7864	20
Pankreas	0.0463	0.0718	0.6443	1.5520	
Penis	0.0749	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0894	0.0958	0.9326	1.0722	
Uterus_Endometrium	0.0743	0.1055	0.7042	1.4201	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.1290	0.5316	1.8811	25
Uterus_allgemein	0.1273	0.3817	0.3336	2.9977	
Brust-Hyperplasie	0.0863				
Prostata-Hyperplasie	0.1338				
Samenblase	0.1691				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0451				
Zervix	0.0532				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0835				
Gastrointestinal	0.1000				
Gehirn	0.1001				
Haematopoetisch	0.0433				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefasse	0.0569				
Lunge	0.0903				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0865				45
Placenta	0.0364				
Prostata	0.1247				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0068				
Eierstock_n	0.3190				
Eierstock_t	0.0152				55
Endokrines_Gewebe	0.0490				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0227				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0100				
Prostata	0.0274				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60.

QUERY: utn_1572013_13.fasta.ext

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.1638	0.0486	3.3720	0.2966
	Brust	0.2149	0.1015	2.1172	0.4723
	Duenn darm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691
10	Eierstock	0.2306	0.0416	5.5404	0.1805
	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132
	Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597
	Gehirn	0.0606	0.0472	1.2834	0.7792
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.2166	0.0847	2.5559	0.3913
15	Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886
	Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082
	Lunge	0.1226	0.0593	2.0672	0.4838
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040
20	Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024
	Niere	0.1032	0.0068	15.0677	0.0664
	Pankreas	0.0281	0.0663	0.4238	2.3596
	Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936
	Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773
25	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1906	0.1494	1.2753	0.7841
	Uterus_allgemein	0.3310	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2782			
	Prostata-Hyperplasie	0.0981			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.1491			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.0833			
40	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0889			
	Lunge	0.1012			
45	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.2969			
	Prostata	0.1496			
	Sinnesorgane	0.0502			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.7974			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0641			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

QUERY: uen_2932156_37.fasta.txt

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.2613	0.2147	1.2167 0.8219	5
Brust	0.2085	0.1767	1.1801 0.8474	
Duennndarm	0.1349	0.2150	0.6274 1.5939	
Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299 0.8850	
Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830 0.5608	10
Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278 0.7531	
Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112 0.9000	
Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0514	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878 1.2693	15
Herz	0.2173	0.3574	0.6079 1.6450	
Hoden	0.0805	0.1169	0.6888 1.4519	
Lunge	0.1195	0.2433	0.4910 2.0368	
Magen-Speiserohre	0.1643	0.1150	1.4286 0.7000	
Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925 1.6877	20
Niere	0.1385	0.2396	0.5778 1.7307	
Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414 1.1886	
Penis	0.1347	0.0267	5.0542 0.1979	
Prostata	0.1831	0.2385	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093 0.7638	
Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2430			
Prostata-Hyperplasie	0.1486			
Samenblase	0.1958			30
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2315			
Zervix	0.0745			
				35
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.1250			
Gehirn	0.0751			40
Haematopoetisch	0.1022			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0520			
Herz-Blutgefuesse	0.1174			
Lunge	0.1806			
Nebenniere	0.0761			45
Niere	0.1915			
Placenta	0.2666			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0251			50
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.4785			55
Eierstock_t	0.0456			
Endokrines_Gewebe	0.0979			
Foetal	0.0128			
Gastrointestinal	0.0610			
Haematopoetisch	0.0228			60
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0901			
Nerven	0.0592			
Prostata	0.3146			
Sinnesorgane	0.0232			65
Uterus_n	0.0375			

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

QUERY: uen_3751007_1.fasta.ext

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.1131	0.1534	0.7373	1.3563
	Brust	0.1215	0.1165	1.0427	0.9590
	Duennndarm	0.1594	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.2935	0.1405	2.0893	0.4786
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0928	0.8628	1.1590
	Gastrointestinal	0.1379	0.1897	0.7273	1.3749
	Gehirn	0.0495	0.1540	0.3216	3.1096
	Haematopoetisch	0.1417	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0991	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0333	0.2006	0.1660	6.0228
	Herz	0.1304	0.1237	1.0537	0.9491
	Hoden	0.0805	0.1520	0.5298	1.8874
	Lunge	0.0800	0.1615	0.4952	2.0195
	Magen-Speiseroehre	0.0966	0.1303	0.7415	1.3486
20	Muskel-Skelett	0.0651	0.0540	1.2057	0.8294
	Niere	0.0462	0.1643	0.2809	3.5604
	Pankreas	0.0892	0.1325	0.6731	1.4857
	Penis	0.1497	0.0800	1.8719	0.5342
	Prostata	0.1286	0.1022	1.2582	0.7948
25	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1677	0.1698	0.9876	1.0126
	Uterus_allgemein	0.1222	0.0954	1.2810	0.7807
	Brust-Hyperplasie	0.1599			
	Prostata-Hyperplasie	0.2348			
30	Samenblase	0.3738			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0642			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2388			
40	Gehirn	0.2377			
	Haematopoetisch	0.1140			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0996			
	Lunge	0.2348			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.1668			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.1025			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0615			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz O aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz O wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, O in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	94.28	Chicken mRNA for leucine zipper protein	141	1780	
2	95.07	unbekannt	224	1637	D5S470-D5S410
3	97.68	unbekannt	214	619	
4	95.07	Brachydanio rerio growth-associated protein	198	422	
5	97.68	unbekannt	198	1194	
6	95.07	unbekannt	227	231	
7	97.68	unbekannt	230	1776	DXS1201-DXS1039
8	92.05	unbekannt	226	1242	D19S224-D19S421
9	95.07	unbekannt	165	553	D1S305-D1S2635
10	95.07	3 Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22	215	1246	22q11.2-q22
11	97.68	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8 secretory complex p71	245	1721	
12	95.07	unbekannt	125	1074	
13	95.07	unbekannt	194	194	D1S305-D1S2635
14	95.07	unbekannt	218	218	
15	97.68	S.pombe chromosome I cosmid c1B3	203	746	D8S1836-qTel
16	95.07	Human angiopoietin-1 Homolog	233	2784	D9S282-D9S260
17	95.07	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87	230	806	DXS366 and DXS87
18	99.99	S.cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610	302	1534	
19	95.07	unbekannt	287	807	
20	97.44	unbekannt	295	3389	D4S1580-D4S427
21	98.91	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase	222	1919	
22	96.97	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	238	280	
23	95.07	Human 1-8U gene	300	451	
24	97.68	Human BTG1	280	1011	
25	95.07	H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain	178	302	
26	91.41	Human ADP-ribosylation factor 1	257	1931	
27	94.28	Human gas1	243	1464	
28	97.68	Human cellular oncogene c-fos	180	2103	
29	99.99	Human apolipoprotein J	121	975	
30	93.33	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	212	3061	
31	92.05	Human gene for class II invariant gamma-chain	199	1193	
32	99.71	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	221	2592	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
33	99.76	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	196	884	
34	95.74	Human Insulinoma Gene	192	493	
35	97.68	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	216	913	
36	97.68	Human alternatively spliced CUTL1	221	1917	
37	98.91	Human apM2 mRNA for GS2374	217	518	
38	95.07	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	217	634	
39	98.64	Human prostaglandin D synthase	186	879	
40	97.14	Human breast epithelial antigen BA46	209	2015	
41	95.07	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	169	732	
42	94.28	Human GTP-binding protein (rhoA)	195	691	
43	98.91	Human triosephosphate isomerase mRNA	192	579	
44	99.57	Human mRNA for phosphatase II beta subunit	220	968	
45	97.68	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein	223	1175	
46	99.89	Human interferon-inducible protein 9-27	250	851	
47	98.91	Human c-jun proto oncogene	146	1049	
48	90.63	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67	282	1375	
49	99.99	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	273	2443	
50	95.07	H.sapiens mRNA for supt5h	209	2693	
51	91.41	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1)	310	877	
52	98.91	Human CAPL protein	299	548	
53	99.89	beta-tryptase	275	1221	
54	97.68	lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding protein	252	252	
55	97.68	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)	176	733	
56	96.44	Human calyculin gene	257	720	
57	98.41	Human cathepsin D	301	2124	
58	90.63	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	294	928	
59	94.31	Human Csa-19	297	297	
60	92.05	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	195	1837	
61	99.22	Human heart mRNA for heat shock protein 90	266	1346	
62	93.38	H.sapiens BBC1	111	251	

	DNA-Sequenz Seq. ID. NO	Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. NO)
5	1	63
		64
		65
	2	66
		67
10		68
	3	69
		70
		71
	4	72
15		73
		74
	5	75
		76
		77
20	6	78
		79
		80
	7	81
		82
25	8	83
		84
		85
	9	86
		87
30		88
	10	89
		90
		91
	11	92
35		93
		94
	12	95
		96
	13	97
40		98
		99
	14	100
		101
		102
45	15	103
		104
		105
	16	106
		107
50	17	108
		109
	18	110
		111
	19	112
55		113
		114
	20	115
		116
		117
60		

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(I) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 117

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

45  tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
    caccaagccc cggcgacct tcttctatct ttccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
    gcgctcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcc a tccctcacat gcatgtcggt 180
    ccccacccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tccctctggga cctctgcag 240
    atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtc a ttctgctctg tcttccccac 300
    tgcctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
    gcaaggatcc cctttaggat tcaatcttct ctctttgggc agttttggct ttgagtcccc 420
    cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgagcgg aatgacagca gctgggtggg 480
    tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcctggagg 540
    tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
    aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
    cagttgctgt cgtctctgtc caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
    gcgtgcacgt cggggtgctt cccgcgcgcg aggtcgcgcg cctccccccg ctccgcccac 780
    ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacttgcccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
    gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttgagg cgcgcgta ca ccacgtggtc 900
    gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
    gggcaccagg cgcgtgcccc gcttggtcat gcgttcttcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
    caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtt tcgcgggtac gcaccttggt 1080
    cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
    cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
    gacgaaagct ccagcgcgcg tcggtcctcc tcgggcgcgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
    ccctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320

```

```

ggcagcttca cttcactctg gtagatcatg actttaaggt tgggggccc cajcaagctcg1380
gcctcggtga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440
gtcttcacgt tgacgctgac cttgcccacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc1500
gtgggtggcg gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc1560
tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctgggc cgacttgatc1680
agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct1740
ccggggcctc ggcgatcggg gtacccgggc aagcgccgc 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1637 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccaccccttc ccagacaagc 120
tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
atccccctctg gaggggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
gtgattttccc ttaggcccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggcccatt 360
catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
gactttacct gattgccttc agtttggggg tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcaggc cttgaaatgc attccatgat 600
attaggaagt cgggggtggg tgggtgggtgg gggctagttg ggtttgaatt taggggcccga 660
tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttaggggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagg gtccatatcg tgcccagaaa 780
agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
gcccagtgac ctggggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ctttgggtggc 900
tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
gagttggctg gtagagcctt ctagagggtc agaattattg cttcaggatc agctgggggt1020
atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg1080
tgaggggacag tttgggtttg ggacttaccg ggggtgatgtt agatctggaa cccccaagt1140
aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg1200
aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga1260
gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg1320
ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca1380
tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tcccagagg1440
actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgctg gctgttctct1500

```

cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaacccac tagagactgc ctgtgtcctg1560
 cctcttgccct cttgtagaat gcagctctgg cctcaataa atgcttcctg cattcatctg1620
 caaaaaaaaa aattttc 1637

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

cggtctgagg tgccctgagg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccag tgcctctgg agaaaccagg120
 gtccccctca gccacccctg cccagggggg tgggtgcagat gaccccggtg agctcggggc180
 40 ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctggggggc ccgctggggg ggaggcccag240
 gcagaacct gcattggacc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga300
 tgacggccca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccgg gcccacagag360
 cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc420
 aactgggtca gcctccgctc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc480
 45 gccagagagg ggaaggtacc aggttgctc ctttcaggcc ccgcgttgtt acaggacact540
 cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgcagc caccgcggcc caatgtcac600
 ttcccagaag cgtcctgtg 619

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

tcgtccaaaa catccggtat cccccaagc cccagacca cctccgtcgc tttgccctg 60
ggaacaccga ggcctcggac ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg120
aaactgagge tcagagaggt gaagtacctg gcccaaggcc acacagccag aatcttccac180
ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttccaga aagaggcaca gcacttccga240
ctgctcgtcgc gcccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg300
aaggtcacgg ccagtccaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga360
tatgagctgt ataattgttg ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa420
aa 422

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1194 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

cggtctgagg tgcccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccag tgcctctgg agaaaccagg 120
gtccccctca gccaccctg ccccagggg tggtgcagat gaccccggt agctcggggc 180
ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tetgggggccc ccgtgggggt ggaggcccag 240
gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga 300
tgacggccca ggccctgggt ctctgccag cgaagaggag tagctgccgg gccccacgag 360
cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc 420
aactgggtca gcctccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
gccagagagg ggaaggtagc aggttgctgc ctttcaggcc ccgcgttggt acaggacact 540
cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgagc caccgcggcc caatgtcacc 600
ttcactcaca gtctgagttc ttgtccgct gtcacgcct caccaccctc cccttcagc 660
caccaccctt tccgttccgc tcgggccttc ccagaagcgt cctgtgactc tgggagaggt 720
gacacctcac taaggggccc acccatgga gtaacgcgc cgccccgat gcgaatcagg 780
cctccccctac atctgggggc gttggcgcg agattcccat tgacacctt gtttcgtgtg 840

55

60

65

cttttaaatt cagggttaaatt gttgcaataa tctjatgcag aagactcagc ttctcaaggg 900
 agagggaggg ggcggacgga ataaatagta acttatttaa gaaatgcact tggattcctg 960
 ccatcagtcg ggggcgggga agggagtacc atccgcagat ggggtgcagca ggcacttggc1020
 5 cagcaggaca caggagacta gcagaaggaa gagggcgggg aggaagaagc cagccaggag1080
 ggggagcctg gggtagccag actctgagcc ccctgatgcg gtgatgtggc ggcggatcca1140
 gttcacgtag gcaggacac gagtgtagac tccccggcct gttggggcgg tcgc 1194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

40 gcctgatgag agccacttgg gttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
 cattggggaa tacttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctggt120
 tttgtcttac tcttcagat gagatatcac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180
 actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 65 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

cggcaggcag ccattcttgc tggagcctga gaaagggagg agagacagaa ggaaccggcg 60
acagtgggtct cagggccgct ccggggggcc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
cgcgggcgga cagccagag gagggaggcc gggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg tttccacagt ttcggacgca 240
gtatatccgc cggcgaccca gctgctgcgg gagaatgcca aggctgggca cccccagcg 300
ctgcgtcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cgggcccctc 360
tccgagccag gcagtgctcg tgcctatagc aacagcatcg tccgagtag ccgcactact 420
cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcgggccc tggggggccc tgggcaccgt 480
cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgca tgaaccgtgc cgtctatgag 540
gacaggcccc ctggcagcgt ggtgccacg tcagcagcag aggcaagtcg ggccatggcc 600
ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc tttgcgggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
cacgtggatg aggcagtcac aagggtgcgc ttcgccaatg atgaccgaca ccgcctggcc 720
tgctgctcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgccctgccc acccacagtg 780
cttcgcgtgc tacggggcca caccgctggt gtctccgact tcgcctggtc cctctccaat 840
gacatcctcg tgtccacctc actggatgcc accatgcgca tctgggcctc tgaggatggt 900
cgctgcatcc gagagatccc tgaccccgat agcgtgaac tgctctgctg caccttccag 960
cctgtcaaca acaacctcac tgtggtgggg aacgccaagc acaacgtgca tgtcatgaac 1020
atctccacag gcaagaaagt gaaggggggc tccagcaagc tgacaggccg tgtccttgct 1080
ctgtcctttg atgcccctgg ccggtgctc tgggcgggtg atgaccgtgg cagtgtcttc 1140
tctttcctct ttgatatggc cacaggggag ctgaccaaag ccaagcgttt ggtggtgcat 1200
gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cgtcctggg tcagcccgca ggcccgggat 1260
ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac 1320
gaggggaccc tgcagctgaa gagaagcttc cccatcgagc agagctcaca tctgtgcgc 1380
agatcttctg tcccctcatg tccttcgcgc agggggcctg cgtggtgacg ggcagtgagg 1440
acatgtgctg gcacttcttt gatgtggagc gggcggccaa ggctgctgtc aacaagctgc 1500
agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gttcaactg cgacgagagc ctactggcct 1560
ccagtgacgc cagcggcatg gtcacgtctt ggaggcggga gcagaagtag ggtcctgtcg 1620
gccctgctgc tgtcctccat cccaccctc ttactccagc ctcgtgttgt aaataaagtt 1680
tcggtggtca tgcctgagggc cggctcccag ctctgccggg gacggacagg gcagagggca 1740
gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa 1776

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

ccccgacaa ggccgagtag tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
 tgcccggtgc ccttgaatta aagtccttct tcaacgccct tgtatggcga gaagcgaact 120
 ttgagcccc agagacctga cccaacaccc ccgacggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
 10 cccacagtcc cattcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcctccgggg 240
 tgggtgggtg ggcagggagg ggctggggca ggctctctcc tctctctctt tgtgggttgg 300
 ccaggagggt ccccgacca ggttggggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa 360
 tatgtatgat gtgttgtgct tttttaacca aggaggggcc agtggattcc cacagcacia 420
 ccggtccctt ccatgccctg ggatgcctca ccacaccacg gtctcttctt ttgctctgag 480
 15 gtcccttcaa ggccctccca atccaggcca aagcccatg tgccctgtcc aggaactgcc 540
 tgggccatgc gaggggccag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccacccc 600
 agccctctc cctctctgc tccagactca cttgccattg ccaggagatg gcccacaaca 660
 gcaccccgct tttgcagcag aggagctgag ttggcagacc gggccccctt gaaccgcacc 720
 20 ccatcccacc agccccggcc ttgctttgtc tggcctcagc tgtctcagat tttctaagaa 780
 ccaaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaaa aaaaaaatca 840
 caaaaacaaa aaactataa aaaagaaaga attaaaaact ttcagagaat tactatttac 900
 tttattaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctagcaacat atctctgccg 960
 tctctcctgc tctcataatg aagacatagc cgattctctg ccggggcccc ttgctgatgc 1020
 25 tcctccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccaggagtgg aggtgggctg 1080
 atggcctggc tgcctgggtg ttgatggttt tgctccccct accttttttt tttgagttta 1140
 ttctgattga ttttttttct tggtttctgg ataaaccacc ctctggggac aggataataa 1200
 aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1242

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

60

aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgccttt cttggccaga 60
 ggcgcgggtt ggactcacgg gcggggcatg atgggtgggtg gtacgggcac ctgctggcg 120
 ctctcctccc tctgtccct gctgctcttt gctgggatgc agatgtacag ccgtcagctg 180
 gcctccaccg agtggctcac catccagggc ggccgtgctt gtctgggtct cttcgtgttc 240
 65 tcgctcactg ccttcaataa tctggagaat cttgtctttg gcaaaggatt ccaagcaaag 300
 atcttccctg agattctcct gtgcctcctg ttggctctct ttgcatctgg cctcatccac 360
 cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatgggtg gtctgtacta catcaacaag 420

atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtcctca caccagccaa ggtcacaggc480
 aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaag ttgattcttc gtaaaaaaaa540
 aaaaaaaaaa aaa 553

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc cccagggctc ctctgtgctt 60
 tactaagatg gcctcagtct ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatgggt 120
 aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagttttta aaatatttgg 180
 gatggaactc cctactgacc tctgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
 tgggttggga atgagatcta ggttgtggct gctggatgct ttcagcttgc tggcaatgat 300
 gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
 ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgcctt 420
 tggccacagg agcagaggca gacctgggat gcccagttt ctcttcaggg atggatagtg 480
 acctgtcttc attttgacac ggtaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
 ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
 taaagcactt cagggttgc tccccagtgc ggctgattt agcagggtgt cctgcgggag 660
 tccaggtcag caccttctct tagggcactg gggctagggt cacagcccct aactcataaa 720
 gcaatcaaag aaccattaga aagggtcat taagcctttt ggacacagga cccagagag 780
 gaaaaagtga cttgcccag gtgctaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
 tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctgagcaggg cctctaacct 900
 gtgatgtcac actcaagagg ctttggcagc tcctagccat agagcttctt ttccagaacc 960
 cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt 1020
 ggggacctag acctcaggtg gtctcttggg gttagtgtat ctggagaaga gaattattact 1080
 ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctcattctga 1140
 cacctgcata tagtgtggga aattgctctg catttgactt aattaaaaaa aaaaaaaaag 1200
 acaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaa 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
25 cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttggcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
   aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atggtattac atctttttga tactctgcat 120
   gctcttttga atcttctggt agttgcccc gataatttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
   caacttgcta atctggacaa gaatatactt cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240
   agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa tttacaaagg aattcagtgt 300
30 cagttccttt acagaggaat gtcttatact tcagcagccc tcggttgata gaaagcacag 360
   gagatacctt atgacacagc caacattttg tgaaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
   atacttacct ttgaggtttt atttaaagtt tggataccac tagctatatt ttgctttttt 480
   cccctcacat tgaattttta ttccattctt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaact 540
   acatgtcact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgtttacca 600
35 gtgttttcgg ttcttgctact tttaacatat tccatttaga aattttgcca ttctgttttc 660
   cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttgtaa ttctcagtt tttaatgacc 720
   ttttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggttttc gtaaataatt tttttgcttc 780
   tttcaaaagg ttaacaatta agcatacttt ctgcagttgg ttgattggat ttttttctga 840
40 ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
   ttatgtagac attaggagt gacggaata cttctgcttt ctgggtaaaa cttaaaagtt 960
   tactatttct tatttggtaa atagatttta agccaattct agtaagaaat taataaaact1020
   acctattttt gtatttcact taagggtggag gaccttaact aaaggaccat atttattcat1080
   tattttaata ttataaggga agtaaaaaaa agtgaggtat agtctaaatg gtgcatatag1140
45 gaaatactga cagtgttttag caacatgcag ccctttgaga ttctgtcgt aatgctaaac1200
   ttgaataaga tggaatggct gaacatgtgg ttagtctttt attttaagaa gaattgagaa1260
   ttgatagatt tggagatgag ctttgcaaag gctgtttgct ttcatgtct ataggtctgt1320
   cattgtcctt tttcaaagca tttctgaagt tattcctact tggatatagt taatggaatt1380
   ggcttaattt gatgacataa taaatcactt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta1440
50 gaaaggccat tactattcta taaaccttat aaacttgctc tgggagaatg cattctaaat1500
   tatatatagt gtttcagctc ccattgtggt gttcatagtc ttctaggaac agataaactt1560
   aagtattcaa ttcactcttg ggcatttggt cccggaggcc ccccttttta gccgattttt1620
   gggaaaacct gcttttcttc tgaggaacct tattctggaa tgtcatccac tttacccaaa1680
   ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g 1721
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1074 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cgagcgcttc ctcaccacct gcgacgggca ccgggcctgc agcacctacc gaaccatcta 60
taggaccgcc taccgccgca gccctgggct ggccccctgcc aggcctcgct acgcgtgctg 120
ccccggctgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
gccatgccgg aacggaggga gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
gcggggtgac acttgccagt cagatgtgga tgaatgcagt gctaggaggg gcggctgtcc 300
ccagcgctgc gtcaacaccg ccggcagtta ctggtgccag tgttgggagg ggcacagcct 360
gtctgcagac ggtacactct gtgtgcccâa gggaggggccc cccagggtgg cccccaaccc 420
gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaaga agtgcagagg ctgcagtcca gggaggacct 480
gctggaggag aagctgcagc tgggtgctggc cccactgcac agcctggcct cgcaggcact 540
ggagcatggg ctcccgacc ccggcagcct cctggtgcac tccttccagc agctcggccg 600
catcgactcc ctgagcgagc agâtttccct cctggaggag cagctggggt cctgctcctg 660
caagaaagac tcgtgactgc ccagcgcccc aggcctggact gagccctca cgcgcctg 720
cagcccccat gccctgccc aacatgctgg gggccagaa gccacctcg ggtgactgag 780
cggaaggcca ggcagggcct tcctcctctt cctcctcccc ttctcggga ggctccccag 840
accctggcat gggatgggct gggatcttct ctgtgaatcc acccctggct acccccaccc 900
tggtacccc aacggcatcc caaggccagg tgggccctca gctgaggga ggtacgagct 960
ccctgctgga gcctgggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
cagtggggct gctgcctgac cccagcaca atââââatga aacgtgââââ ââââ 1074

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5 gttcagctcg cgtttggttg ccagaagagc cggttgggct caggggcggg gcatgatggt 60
 ggtgggtacg ggcacctcgc tggcgctctc ctccctcctg tccctgctgc tctttgctgg120
 gatgcgggtg tgcggccgtc cgctggcctc cgccgggtgg ctccgctcc ggggcgggct180
 gcttggttcg ggtc 194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

40 cttgggtacg tgagcagggt gttaagttag ggtctgcctg tatttctggt ccccttgga 60
 atgtcccctt cttcagtgc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120
 gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctagctagt cctggggccc180
 agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tcactggt 218

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
gccgagtcgc tgaccgagcg caccgccccc ccggcgccat ctccccgacc gcgagccgtc 60
caggtctcag tgctgtgccc ccccagagc ctagaggatg ttcatggga tcccagccac120
gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtacaal80
gaacgcccgg gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgctg tgggaagac240
aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccagcg agtacactgc300
agcctgtccc cggctcctgg tccaatacaa agctgccttc aggcaggtcc agggctcaga360
aatcagctct attgacgaat tctgccgcaa gttccgctg gactgcccgc tggccatgga420
gcggatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg480
catcgagac gtggtctcgc tcttcacac ggcatggac aagctgcgac tggagattcc540
gcgcatgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgat ggagaccatg caccgcatga600
gccacctccc acccgacttt gagggccgcc agacggtcag ccagtggctg cagaccctga660
gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg720
tggagtcagc taaaagctt aacgct 746
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2784 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
gccgcaacat gaactcgcg gtcacgcagc tctacatgca gctcctgcac gagatcatcc 120
gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
ccgacatgct gcagctggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagta cagcacctgg 240
ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgcgcagtt gaggagcact gccagagggg 300
gccctcggcc aggcccgctc cccagccacc ccccgctgcc ccgccccggg tctaccaacc 360
accacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
cctgaagggt ctgccacccc ctctgcccac tatgcccact ctcaccagcc tcccatcttc 480
caccgacaag ccgtcggggc catggagaga ctgectgcag gccctggagg atggccacga 540
caccagctcc atctacctgg tgaagccgga gaacaccaac cgcctcatgc aggtgtggtg 600
```

```

cgaccagaga cacgaccccc ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
taacttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaaggggtt gggaacattg acggcgaata 720
ctggctgggc ctggagaaca tttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctggt 780
5 gaccatggag gactgggccg gccgcaaagt ctttgcagaa tacgccagtt tccgcctgga 840
acctgagagc gagtattata agctgcggct ggggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
aggaaactgt gccactacc agaaggagg ctggtgggat aacgcctgtg cccactccaal020
cctcaacggg gtctgtgacc gcggggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
10 ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
gaacccaac accttcact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
gagccacccc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctcctcacca gttcatcctg1260
aggctgggag gaccgggatg ctggattctg ttttccgaag tcaactgcagc ggatgatgga1320
actgaatcga tacgggtgtt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagccctca1380
15 tgtctccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taaataaatt aagtctctac1440
aataaaaaca caactgcaaa gtaccttcac aatatacatg tgtatgagcc tcccttgtgc1500
acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatactaga1560
tccatatata ggtttgcctt agatacctaa atacacatat attcagttct cagatgttga1620
20 agctgtcacc agcagctttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
agtctaagg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcacc ttggcatctg1740
tgtgcctgga ttcttcaga atgtctacaa tgctaattct tcacatagag gttcccagct1800
tcttaagaac cccttttggc acctaatcaa atttcaaaat ccctccccc acattttcat1860
acttttcccc attctcagga cttttcacca tccatcacc acttatccct tcatattgaca1920
25 ccattcatta agtgccttct gtgtgtcagt ccctggccac tcaactgcag tcaaggcccc1980
ctttccgctc tgctgtactc ctgcctacc tactccttgc cttttctgtc gcacagcccc2040
ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaac actccgggct ccaggtttct2100
ggttgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgcag2160
ttttgtatct tccattcata ctttaacctc caggtcattt gagtcttcac acaaataata2220
30 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcac cagatcatca gagccccag2280
atggctacag accagagatt ccacgctctc aggctgacta gagtccgcat ctcatctcca2340
aactacactt ccctggagaa caagtgccac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
tgaataatca ggggtcaccg gaccccttgg ttgatgcact gcagcatggt ggctttctga2460
gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactcccggg actattgcca agaaggggca2520
35 agggatgagt caagaagggt agacccttcc cgggtgggac gtgggcccag ctgtgtgaga2580
tggtggatgt ttggtactgt ccattgtctg gtgtgtgcct attacctcag catttctcac2640
aaagtgtacc atgtagcatg ttttgtgtat ataaaaggga gggttttttt aaaaatatat2700
tcccagatta tccttgtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttggtat2760
40 gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa 2784

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```

agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agaggggaaag 60
ccagagagtg aaggagagcc agggagtga acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
gatgatgtac ccaggaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
gagtataaag aggccatata tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
gacaatatgg ctaagggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcggtt300
ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360
gggtggctgca gggccccacg aaggacatt gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
caggcattta ccaggccatg tgctttaacg ttacggtaat actttacttt aggcattccct480
cctgttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
tctgttacat ggaaaaaatg ttgatgggtg attgtaaaat taaaaaacac aacttgcaga600
accaaatata tggcatcagt acatttttgt aaaactacaa agatacttac ctagtaatat660
agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg720
gtgaattttt cgggttcctt ttgtgttcac ctgtccagtt ttcccccaa acagagttcc780
ttagtcgtaa aatattaaat ttgaag 806

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcgttggt gggaagcgca gtcgaaaagc 60
gatgccgatt ctggtttcct ggggctgcgg ccacttcgg tggaccagc gctgaggcgg 120
cggcggcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgctca ggagccgctg 180
gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggctac aggagcgcac gagcgggtggc 240
ttgttgctag aggccccaaa tgaaaaactc ttcttcgtgg acactggctc caaggaaaaa 300
gggctgacaa agaagagAAC caaagtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaaccctt 360
cgggttgacc tcatcctcga gaacacatcc aaagtccctg ccccaaaga cgtcctcgcc 420
caccaggtcc ccaacgcaa gaagctcagg cggaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
aagcaggggc agctgccccg ggaggtgcgc agggcccagg cccggtcct caacccttct 540
gcaacaaggg ccaagcccgg gcccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600
gcctcagaca accccctgga caggccgttg gttggccagg atgagttttt cctggagcag 660
accaagaaga aaggagtga gcgccagca cgctgcaca ccaagccgtc ccaggcgccc 720
gccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
ctgctctcag cggcccacga ggtggagtgt cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
cggcagtggc cctgcccggc acggagcagg ccgccacca ggagtccaca ttccaggagc 900

```


DE 198 17 946 A 1

5 tgtgcgaggg gctgctggag gactcggatg gtgaggggga gccaggccaag ggcgaggggc 960
 cggaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gcccgccgc ccggccacca cagagaagaal020
 gacggagcag cagcggcgcc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
 gttgcggggc gcccggtccc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggccca1140
 ggtggccctg aggttggcgg gactggcgcg gcggcgagg cggcggcagg cgcggcggga1200
 ggctgaggct gacaagcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcga1260
 cgtgcagctg agctcggagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccg agggcaacat1320
 ccttcgagac cggttcaaga gcttccagag gaggaatatg atcgagcctc gagagagagc1380
 10 caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
 gttgtagctg ccatcagatg ccggagactc gcccttcaat aaaaaatctc ttctagctga1500
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata 1534

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

45 tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
 atctgcaact gttaggtctt tggtatgtct tggtcacttt gtctggactg gccgtgacct120
 tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttctggtggg ccagcgagca180
 gtcggaagtg ctgtgcctct ttctggaagt cttgcttccg gactttcttg atctgagtca240
 agtggaagat tccttttacc agcttccaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
 50 gttccagggc aaagcgacgc aggttgtctg ggcctttggg gataccgatg tgtggacgag360
 gacccggccc ggtgccttgg gacacctggt agaactgatc tcaactgtggc cagggctctgc420
 tttgtcctct gggcaaactc tgcagcaact cccagccact ttctcggggt gacggcaggg480
 gtactcgggtg ggacaggtca cacgctggca gtcttggcgg ccactctcac aggtgcatag540
 gatgcagggc aaggggcccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtgggagta600
 55 cgtcttcccc ccatgcacac aggttttctt atgtttctcc ttcaggacga tcttgacagt660
 tgtgctgctt gctcccttgg gtctgaagtg gcgaggata aagctcagag gggcgctgag720
 gccagtgggg gctggggtcg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggga780
 tgctgagggg gtctaagccg gtgggag 807

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 65 (A) LÄNGE: 3389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 17 946 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

ctcccacaac aatttcattg ttgttagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
atccttaggt atttctaaaa cataaagagg agaattaagt cagctgcaga acaatggggc 120
tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcattgctt ttggtggaaa tttacctaga 180
ggttacaacc acaggatgta gcttggcttc ttatttgctt ttttgggaaa ccaattaaga 240
ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgtatta 300
cttgttccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaatagaa 360
caacaaaaaa aggcttctta tgggtgcagca ggaaaaaaga tcatttttat agctttgcat 420
tcttaacata gcattttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
gtcggtttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtatttc 540
cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttctgttgg 600
acaggtggca atcttagcag agccactatt tggagtgtat aactaaagat gcaaataaca 660
tgactatgcc ttctggctcat cctaggacta tttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcaactggcag cataggtctc 780
atcttgacc atacagtccc actttataga agagggtgga agttctccaa aacaatatcc 840
acaacaaagt ctgacctcac tctgaggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgccc accaggggct atatgtgcca 960
cctttcaggt tggggccaag gaagtgatgt cagtgtgaca gaagggagag ttagacctcc1020
agacgtcagc ctccctccca tggggtacat tttcaatctg agtgttgttg ccttagctgt1080
gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct ggttatgagg tgtaggagg cagtttttgt1140
ttagttttta ggactttgcc tcttcctttg tccttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
acgaagtcgg ttttcattgc cagctcaaga ggcacaatca tttacgagtt cctatgttat1260
gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat ccactgcatg gtttaaatac aggcactgga1320
atataaatga aaaaggtcat tacagtcact gactttctgc aggacctaa acatttctct1380
ttccacaagt ttccccttaa tcatgtgtca aacctctctt cctgacggga atgttgtgct1440
ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggaggaagg aaggttccat ggacatgtaa1500
gtacagcata ttcccctcag tcttctagga gggcagagtg aatcccagaa ctggtaagat1560
tggaatctg agcattgcca ctttaatctt agaataattta tcattttgac acatcctgtt1620
ttttagagag gaaaacaaac acagtttctg cattggtagt gtaaagcata ccttgtagg1680
aacgtgtttt gtaagacaca tttgggttgt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
aaaatatatt tagtatgatt gttagtggta acatatatca aggccttgaa ttaactgttt1800
tatttaattt tcacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagctacaaa1860
tagttcttta aaataagccc aggttattta gctattctag aaagtgccga cttctttcaa1920
gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc ctaaattcta gcctggcagc1980
aagagtcaca tctgagatgt ccaaaaaaaa aaaaaaaa cactgatct acattgaaag2040
ggggtagact aacgtatgtg agaccatttt cctatttgca gttacaaggt taaagaactt2100
tgaaggtcat tgggtgcta agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
accctcctaa gagcagaaga cacatggctg ttagtgtctg cgttttagatt taatttctca2220
aataaaggcc cttggctgct tatcatttca tccagttata aactagggct cctgcaagca2280
ccccattct aagggtgaat tattgaaatc agttgctatt tgatgagtca caactggccc2340
agcaggcagg gcatttgaag tcatggtcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400

5 aatgcttaa aatgcttcta gaggggaagtc gtgggggctg tgctcattct ctttaaaatc2460
 aggggtgttg agtttgttt tataacatttt tataagttca tgagaaaaa catataaatt2520
 ctaagaacca aactgtatt cccagaaaca tgaccctcgc tgggtcttggg tccacatatc2580
 attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
 aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgcctacca gggttggcca2700
 agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
 tcatcctatg agcgtcatgc caatgaaacc ccattctctg gagaagccct tgaatcagaa2880
 10 ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
 tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaat tcacagcact3000
 actcagagggc aattgaataa agagaaattt aattttaaat atcaagtcct gtcaaacatt3060
 tctcaaactt ctgattttat caaaggtttg ccagccaata aagtgcaccc caagtataca3120
 ggggagaaag ctgactcct acagggtcct agagttaaag taattttttt gttattaata3180
 15 taggtaataa tttttctaatt ttttattttt tgggtccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
 cctctgttta tgtcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacaggtga3300
 aatgtaaate tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
 cttcctctac ctgataatga taatactca 3389

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1919 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

50 caccgcctcc ccgggagacc gattgctgaa cccaccttcc tctactgtt caagtaccag 60
 gggggccctg tcccgcaaag ggaagaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggg 120
 gatccgcca gccactgcc cggactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
 ttaaataatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
 55 gttttggaga gcacccctt taccactgcc tggttgcaga agtgcgaaa gagcactgga 300
 ctccggaagg taaccctctg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
 gtagtgctcg ctgtgtagaa ccactgacta cacaggccga agttactgag aacttgga 420
 gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaactac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
 ctttaagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
 60 actcgggaagt gtttaagctg cttaagtaag tataagtgt gtggagacc ggaagagta 600
 gatataatgt catttggtgt aattcagttt cataaaatgg ttcttggttg accctaactg 660
 aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat ttttttctt aatttgctcc aatcttcagg 720
 ttacagtctc tagcttcgcc atgtacatgg cccttccgtg tacatggatg ggcggggagg 780
 65 taactaaaag atcctttaca caataaagta gatgatcatg ataatgagg taaggtccta 840
 ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaaccacta tgatactcgc ttcctgtctg 900
 tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag tttaatttga aacctttgcc tccatttgga 960

```

atagtagaca ccagttaaga ggggtgtcaga tgcctttttt tggettggtcc ctgttgattg1020
gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctgggt ggcgctttt tttctgacgt1080
ctgttcctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg1140
tgcattgttac gtaataacctg tttctgggca atgtctgttc ttctgactca acaaatgggg1200
agagcaaatt gaaaatgcgt aaattggaag gcaagttctg aaattaaacg ttgtactttg1260
gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc1320
tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg1380
tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag1440
cggttctcgtt tcctgagtggt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgt1500
gcctgacttc agtgagttct gatgtgtgct ttttgcaaat acatgttctc agaacagtga1560
gatcatccag cagtggcctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccatggctac1620
ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc1680
agctgcaact tttatggaat gttttccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag1740
gacacagcat tggttggttt gccatgtact attttaccta tgaccctggg attggcaagt1800
tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttggcaaa gatcagaaat1860
ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggat ggaataccct ggggtgtgtgc 60
aaatacactg tccaggatga gagccactca gagtgggtgt cttgtgtccg cttctcgcc120
aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctgggtcaa ggtatggaac180
ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacgggtg240
actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg 280

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgcccc aacaatgtcc tctggtcctt gttaaacc 60
ctcttcaatg aacccccctgc tgcctgggct ttcaataaga attcgctac tccgtggaag 120
tctagggaca ggaagatggt tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc 180
aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcattcctca tgaccattct gctcatcgtc 240
atcccagtg tcatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcattcactg aggccaggag 300
ctctgccccat gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tcctcgccct gccccggag 360
ccgagtcctg tatcagccct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt 420
gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a 451
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaagatat agtctgtgga tggatcatct 60
gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggt aaaaaaaaaa 180
aaaattttta gtagacagtgc catagtgttg acagtacctt tcaatgatta attttaatag 240
cctgtgagtc caagtaaagt atcactttat ttgctagggg ggaagtcct aggggtgggtt 300
```

```

cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaaagt 420
tggtattggt aaccttttcg gcagctttta ataggaaagt taaacgtttt aaacatggta 480
gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaa atgtataaat gtacataaag 540
acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgtgtt tttggccttg 600
aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ccttaaaaag 660
acactgtctc aactgtggtg ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagctttag 720
ttttctaaga ctgagttaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctggtt tgtaactttc 780
cttgacttta attgggtaaa agtcttttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
tagtcatctt ttatttggtg aattatgaac tgggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttgatga gaaatttttc ttctctctat 960
aataaatcgt ttcttatctt ggcattttta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

gtcttggtc tgctaccag gctgggttc agtgagccg gattgtgcga ctgactccag 60
cctgggtgac aggggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaaata aaaaaagaac120
ctggatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaaat ggacttgagg aagctaagat180
catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaatttagc tattgctatt240
gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg gagttgaata ttgttttcat300
ac 302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgtttttc tttcctttta atagttaaga 60
gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
gtatacaaaa cagttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagagggt ccacgacacc 180
aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
tcaaaataca aaagaaaaaa gtagagggtg tctttttcga tggcaaatacg gacccttgca 300
ggctgaggga gagaaagcta catcacacac agagggtggg tgctcccgag gggctgtggg 360
tctagggtga ccgcctgccc ggcttgacag cgctcctgct ggtgaggccc cagacatcct 420
gccaaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgaggga cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaagggtgg tagggcgctt 540
gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
ctactgtgac catgcagaat tgatcgcagt ctctgcgcca ccaccacctc atgttcccga 720
ggggaacagc tgggctggcg actggcatcc aggcgtaac tgcaaatcta tgctaggcgg 780
ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggtt cttaactatt ttaaaaaatg 840
cactgagttt gggttaaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaagccaa 900
gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcctggaggc cagggtgcca tgggcctaca 960
tcccctctca gcaactgaac gtgagttgat ttttctttt acaataaaaa aagctgagta 1020
atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaca aaaactatct acattaaata 1080
aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac atttacagca cgggtgcgatg cacacgggtg 1140
ccaaaccacg gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgcacgtttg ccacatgaga 1200
gtaaagcaga gggcaagagg agtgagaggg aggggggtcg cgttcacttc tggttccgga 1260
gctgattgga cagccagctc agtccttcat agagcccgtc gccgctggtg gcgcaggtgg 1320
cctgaatgta ccagttcctg tggcgtagtg agtgcagccc cagcttgtct gtgatctcgg 1380
ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc 1440
ggagctcgtc ctcgccagc atcctcatga gctcctcacg ggcctcgttc acacgctctc 1500
tgtcattgct gtccaccacg aagatcaggc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccaca 1560
ggggccggat cttgtcctgg ccacccacgt cccacacagt gaagctgatg ttcttgtact 1620
ccacggtttc cacgttgaag cctatggtgg gaatggtggg cacgatctca cccagcttaa 1680
gcttgtagag gatcgtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcattt 1740
cttttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttcccatg cttgtggaca 1800
ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggtgctg ctccgagcca ggcgttgggt 1860
ttgctccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccgg gcgcggggca 1920
cgccgggtaa g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1464 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```
ggggcgcacg gacccccact cgcctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
ccctcgcgcc ccccgccggt ggctgcggga gagcccgct cccactcccg tgctcgcctc 120
gaccccgcg cgggcacctg tggcttggga cagatagaag ggatggttgg ggatacttcc 180
caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactt 240
cccctgaagc tcctctccgg agcttgactt cttggacctc ctcccccgcc ccaattccaa 300
gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
cgggaggaag caagcatgtg ggggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaagggtg 420
tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaaggg 480
gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtcct acttaccgat 600
tcattctttc actgtttgta tctgcgcccc gaattctcag tgacgtgggg gtgagggtgg 660
gtggcgattg ccttagaggg aaccctaaa ttggttttgg ataagtttga gcccttgacc 720
ttaatttcat tgctaccact ctgatctctt agcacatttc ttaggattaa ggttccaaaa 780
atgctgatct aaggggttgc catggtgttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
tgcactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt ttttgtcatt tttgttcttt 900
acatcaagaa attttatgtt taaatatgag gagaatgtat attgcctctg ctctatcag 960
ggttgctaaa ccctggtaca tcgtatataa aatgtattaa aactgggggt tgttaccagt 1020
tgctgtactt tgtatataga atttttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttta 1080
aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac ctttcccccc tgaaatgtat 1140
agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtcctt tgtgaagtgt gctatatatt 1200
gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gttaacattc ttattttcaa 1260
gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
atttttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
tttttttggg tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaa 1440
aaaaaaaaaa aaaatttcca aaaa 1464
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2103 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

10  ggggccgagg ccacgaatcg agcagtgacc gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
    ccacctgtct ccgcccctcg gccctcgcg cggttttgcc taaccgccac gatgatgttc 120
    tcgggcttca acgcagacta cgaggcgtca tcctcccgt gcagcagcgc gtccccggcc 180
    gggaaatagcc tctcttacta ccactcacc gcagactcct tctccagcat gggctcgcct 240
15  gtcaacgcgc aggacttctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattcccacg 300
    gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagcccgc cctcgtctcc 360
    tctgtggccc catcgacagc cagagcccct caccctttcg gagtccccgc cccctccgct 420
    ggggcttact ccagggtggt cgttgtgaag accatgacag gagggcgcgc gcagagcatt 480
    ggcaggaggg gcaagggtga acagttatct ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
20  agggaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgccgcaacc ggaggaggga gctgactgat 600
    aactccaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
    gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gagttcatcc tggcagctca ccgacctgcc 720
    tgcaagatcc ctgatgacct gggcttcccc gaagagatgt ctgtggcttc ccttgatctg 780
    actggggggc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccttcac cctgcctctc 840
25  ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gaacctgtca agagcatcag cagcatggag 900
    ctgaagaccg agccctttga tgacttcctg tcccagcat catccaggcc cagtggctct 960
    gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt ccttctatgc agcagactgg 1020
    gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagcccctg 1080
    tgcaactccg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttc 1140
30  acctaccccg aggtgactc cttcccagc tgtgcagctg cccaccgcaa gggcagcagc 1200
    agcaatgagc cttcctctga ctgcctcagc tcaccacgc tgctggccct gtgagggggc 1260
    agggaaaggg aggcagccg caccacaag tgccactgcc cgagctgggt cattacagag 1320
    aggagaaaca catcttcctt agagggttcc tgtagacctt gggaggacct tatctgtgcg 1380
35  tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
    cttacctctt ccggagatgt agcaaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacactt 1500
    cagagagctg gtagttagta gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct ctttctcttc 1560
    tctccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacctg 1620
    gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagctgattt taacaataac tactgtgttc 1680
40  ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt 1740
    tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat 1800
    caatgttcat tgtaatgta ctgatcatgc attgttgagg tggctctgaat gttctgacat 1860
    taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tatttattaa gatggattct 1920
    cagatattta tatttttatt ttattttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaag 1980
45  tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattgtt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa 2040
    agcattttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaga gggggaagca tgggggggtc 2100
    acc
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

10

cacccgggag cccagagata ggtaccacta cctgcgcgtc aaggtgcccc accggggggc 60
tgcacttctt cgttcccaag tccccgcata gtccgcagct tgatgcactt ctctccgtac120
gagccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttccct gagatgatac acgaggctca180
gcaggccatg gacatccact tccacagccc ggccttccag caccgcca cagaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccgggagatc cgccacaact ccacgggctg300
cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggcta agctgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgctga420
gaggttgacc aggaaatata acgagctgct aaagtcctac cagtggaaga tgctcaacac480
ctctctcttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacct540
cacgcaaggc gaagaccagt actatctgcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt ccttccggtg tcaactgaggt ggtcgtaaag ctctttaact ctaatcccat660
cactgtaacg gtccctgtag aagtctccag gaagaaccct aaattgatgg agaccgtggc720
ggagaaagcg ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtggatg tggatgttgc780
ttttgcacct acgggggcat ctaagtccag ctcccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggcccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcactct aacactcgac tctgctgctc atgggaattg960
ctcctgcatg caact 975

15

20

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 3061 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

60

acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctcctctgtc gccgcccctt cctggcttca cgttttcata attggcaaga aagggcagaa 180

65


```

cctggccaaa atcactcagc agatgccaaa ggttcacac gaattcacag agggcgaga 240
caagatcacc ctggagggcc ctacagagga tgtcaalytg gccaggaac agatagaagg 300
catggtcaaa gatttgatta accggatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagtt 360
5 ccacaggcac ctcatggga agagcgggtgc caacataaac agaatacaag accagtacaa 420
ggtgtccgtg cgcacccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
gggtgaacgg atccgtgaaa ttctgtgaaa attcccagag gtcattcatta actttccaga 660
10 cccagcacia aaaagtgaac ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
cacaaaatac atgcagaaga tgggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780
tccgatcttc aaacagtttc acaagaatat cattgggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
gattcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900
cattatcacc acaggcaagc gagccaactg cgaagtgcc ggagcaggat tctgtctatt 960
15 cagaaagacc tggccaacat agccgaggta gaggtctcca tccctgccaa gctgcacaac1020
tccctcattg gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcggggtc1080
cacattcact ttcccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttcc1140
tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatctgg cggaggagaa gcaaaccaag1200
agtttccact ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattcctcat cggcaagggg1260
20 ggcggcaaaa ttcgcaagggt gcgcgacagc actggagcac gtgtcatctt ccctgcggct1320
gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaagg aggacgccgt ccgagaggca1380
cagaaggagc tggaggcctt gatccaaaac ctggataatg tgggtggaaga ctccatgctg1440
gtggacccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggtctt gcgggagatt1500
25 gctgaagagt atggcggggt gatggtcagc ttcccacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
gtcaccctca agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcat tcaggagatc1620
attgaggacc tggaaagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccacagaa attccatcga1680
tctgtcatgg gcccacagg ttccagaatc cagcagatta ctccggatctt cagtgttcaal1740
atataattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800
30 aatggggagc aagctgggga ggggagagag gctaaagatt gtgaccccggt ctctccaagg1860
aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggaagct1920
ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gttagaggtgc cctttgacct tcaccgttac1980
gttattgggc agaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040
catgtcccggt cactgagct gcagtctgac atcatcgcca tcacgggcct cgtgcaaat2100
35 ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcactgtag accccaata ccatcccaag2220
attatcgga gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280
cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag cccagggacc aaattaccat cacagggtac2340
gaaaagaaca cagaagctgc cagggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
40 atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcgttcacg cccgcatcat tgggtgccgc2460
ggcaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaaggtgg acattcgctt cccacagagc2520
ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
atcgaccaca tcctcaatct ggaggaggaa tacctagctg acgtgggtga cagtggggcg2640
45 ctgcaggat acatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcacctc cagaggcttt2700
gtggtgcggg acgcacctg gaccgccagc agcagtgaga aggtcctga catgagcagc2760
tctgaggaat ttcccagctt tggggctcag gtggctccca agaccctccc ttggggcccc2820
aaacgataat gatcaaaaag aacagaacc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880
acaatggttt gtctcaatct gaccagcgg ctggaccctc cgtaaattgt tgacgctctt2940
50 ccccttccc gaggtccgca gggagcctag cgcctggctg tgtgtgcggc cgtcagagca3000
tgcatctaga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060
t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cggttgcagg agtcctgctc 60
cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
gcgagcgatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
ggcgggtgggc cgcagcgcct gcaggaatgc tgctctccag agctgggccc gcgactggca 240
gagctggagc gcaggctgga tgtcgtggcc ggctcagtga cagtgtctgag tgggcggcga 300
ggcacagagc tgggaggagc cgcggggcag ggaggccacc cccaggcta caccagcttg 360
gcctcccgcc tgtctgcctt ggaggaccgc ttcaactcca ccctgggccc ttcggaggag 420
caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actggctgcc tgctgcccgg 480
ggccgactag agcagttggg ggggctgctg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
ttggatctgt tggaggagca ggtggcaggg gccatgcagg catgcgggca gctctgctct 600
ggggccccctg gggagcagga ctctcaagtc agcgagatcc tcagtgcctt ggagcgcagg 660
gtgctggaca gtgaggggca gctgcggctg gtgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
gcggggggagg cccggcaggc cacgctggag ggattacaag aggttgtggg ccggctccag 780
gatcgtgtgg atgcccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctcact 840
gcggccccggc taggccaact ggaggggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
gcctgtggcg gagtccaaga ggaactaggc cgccttcggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
tgccccctgt tgcctcctcg gggctcctggg gctggtccag gtgttggggg cccaagccgt 1020
ggggccccctg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg 1080
caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcagctccc tcaatgactc actgaatgag 1140
ctccagacca ctgtggaggg ccagggcgct gatctggctg acctgggggc aaccaaggac 1200
cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag caggaggcca cagagcatgc tacagagagt 1260
gaagagcgct tccgaggcct agaggaggga caagcacagg ccggccagtg cccagctta 1320
gaggggcatg tgggccgtct tgagggtgtc tgtgaacggg tggacactgt ggctggggga 1380
ctgcagggcc tgcgcgaggg cctttccaga cacgtggctg ggctctgggc tgggctccgg 1440
gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca gccctgctgg agaagctggt cgggggacag 1500
gcgggcctgg gcaggcggct ggggtgccctt aacagctccc tgcagctcct ggaggaccgt 1560
ctgcaccagc tcagcctgaa ggacctcact gggcctgcag gagaggctgg gccccagg 1620
cctcctgggc tgcagggacc cccaggccct gctggacctc caggatcacc aggcaaggac 1680
gggcaagagg gccccatcgg gccaccaggt cctcaagggt aacagggagt ggagggggca 1740
ccagcagccc ctgtgcccc aagtggcattt tcagctgctc tgagtttgcc ccggtctga 1800
ccaggcacgg tccccttcga cagagtcctg ctcaatgatg gaggctatta tgatccagag 1860
acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgctacttgc tgagcgcggg gctgactggg 1920
caccggcacg agaaagtgga ggccgtgctg tcccgtcca accaggcgt ggccgcgta 1980
gactccggtg gctacgagcc tgagggcctg gagaataagc cgggtggccga gagccagccc 2040
agcccgggca ccctgggcgt cttcagcctc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacgg 2100
tgctctgacc tggatcatgg gcagctggcg cactcggagg agccgctcac catcttcagc 2160
ggggccccctg tctatgggga cccagagctt gaacacgctg agactggggg cccgcccagc 2220
gtgtctacgt cggctgaaga gacagcgggg gcggcgggct cctggggtct cgcctgagac 2280
ggggcaccta gccctgggcg agcgcgcgac ccgggcccgc agcggcaccg cgcccagagc 2340
ggcctctccc cagccccggg gcgcgcccgc tcagggaggc tcggggccgc ccatgcagac 2400
ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaacct ctccagggcc ggcctgcgga ggagccgatc 2460
ctcgcaccct ccgctccctc cactggccct ccaggctgat tccctgggct ccaggctccc 2520
ccgcgcgggc gccgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt 2580
ctaaaaaaa ct 2592

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

30  tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
    ggtcacaggt caagtcattc actagtcccc actaggaggg gtggcaggga cagggtctgg120
    ggtggtgggg cgagtcacca aggtgggggg cccaggagg gcaagctcct ttacccatct180
    ttgaaggctg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctgggccccca gagcagggca240
    cgaagcccca caaaggctct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
35  gaggggctgg tggacggcac tgcaggggct ggcttcatgc cttcttgagg ttctctgcgc360
    ccatccagct agagctcgtc atggtcgtct tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
    caggcggctg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgcagc gactgggctc tgtggtgctg480
    gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgcacgggtg tggagcgggt ggggccctgc540
    cagcagcccc tgccttgctc atacttcatg gcactgaact tgcctggtgc ggggccaatc600
40  catgagcccc aggtgccaaag gctggtggga gagccccga gtttgggttt ctgcgagaca660
    agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttggtgg tgagctcgta gcactggctg720
    tacaggtaag caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctcttg ctccagggttc780
    ctgatggact cctccatgtc cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcggggcc840
45  tcctgggcag ctgggagagg ggttgagggt cagctcgagc cggg 884
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: _____
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

10

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
aagaagaagc ggaccttccg caagttcacc taccgcggcg tggacctcga ccagctgctg120
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccagggcgg cggtgaacc180
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgccg gcgcaaggcc aagaaggagg240
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtga agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttgaac caggtggaga360
tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagcccgtaa420
agcatggccg ggccggcatt ggggccaccc acttctgccc gttgatccct gtgaagtaat480
gggttagtaa ttt 493

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

50

gttccgcaat tggtcgggcc aaaagtctgg gaaccacccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctccagaggg ctggtcctta tttattttaac300
ttcaccgagag ttcctctggg tttctaagca gttatggtga tgacttagcg tcaagacatt360
tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
atggggcaga agagaaagga ctccagtgtg gatccggttt ctttttgctc gccctgttt480
tttgtagaat ctcttcacgc ttgacatacc taccagtatt attcccagcg acacatatac540
atatgagaat ataccttatt tttttttgtg taggtgtctg ccttcacaaa tgcattgtc600
tactcctaga agaaccaaat acctcaattt ttgtttttga gtactgtact atcctgtaaa660
tatatcttaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggtttttttt720
tagttgcaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaaataata ttttcttct780
tctaagaaga cattttgtta cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
atcttctattg aaaaaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaaaaaa gaggggggga gagaggagag900

65

gggggggggc ggt

923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1917 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

35 agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gcccctggag gtgctgttgc 180
tgagagagaa ccgctcgctg cagtccgaga acgcccgcgt gcgcctctcc aacagcgacc 240
tgagcgggacg ctgtgcgagg ctgcaagtcc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
40 agcagagaga gctgatcgcc cgcctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggcccgatgc cgaggggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cgggtgccctc ccagagggcc 480
aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagagggg gcgcttccgt gcccggaacc 540
aggagcttga ggccgagaac cgcctggccc agcacaccct ccaggccctg cagagtgagc 600
45 tggacagcct gcgcgcccgc aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctgcg gtactcgtcc cagtacgagg 720
agcgccctga ccccttctcc tccttcagca agcgggagcg gcagaggaag tacctgagct 780
tgagtccctg ggacaaggcc accctcagca tggggcgtct ggttctctcc aacaagatgg 840
cgcgcaccat cggcttcttc tacacactgt tcttgactg cctgggtcttc ctgggtgctct 900
50 acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc caccctctgc gccagaagt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcggct ggtgacttgt 1020
ggcagtgata ccccgggggc tccccgtga cagtgcggc tgccctcca ccccgactgc 1080
tcagtgcac taatcactta gactcccctg aagaatcccc catggaaact gcccttatcc 1140
gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt caccctgggt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
55 gtcacatcag gcccgctagg tccagagagc gagcccccaa tgcccggcca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctcagccccc acctcaggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
ctgggtggcag aggtccctca gctgcgaggc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgcactgcg atcctcttgg gctctcctag gggcccccca 1440
tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggccttgag tccagcacccl 1500
60 ccagcctgcc tttgccacca gccccaccct gcagagtata tgaggcttga cagagtctgc 1560
ccccccccc actgcacccc aagagagaga gccccagcca gcggaacagt ttctattacc 1620
ccctccctgc cccagacccc atgtgatttc tgctttcttc tttagcaaga tattctgggt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagcccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggtctgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
65 cggccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gattttagt tgcatattta 1860
gctttgcaca tttgaaataa accacggttg cagccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1917

```


(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 518 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```
ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcacgcga ctctgggcag 60
gatecaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccgccgaag ccatggcaag120
caagggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcgga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag caggagact tgggtgacct cccttccagg cgccatctag420
cacagcctgg ccctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcatataaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagttttg 518
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

```

ctcccgcgcg cgcgggttaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccgccccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtgccta ggcccgctag ccgcgcctt cctcctcagc120
ctgctgctgt tggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
15 tgccaggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tactcccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtttc tgctggccc tgcattctgg tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 879 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

50

```

ctggcccata aataggggtc tcctcagtgc cctccgctcc tcctgccacc tccctcgctc 60
tcccacacca ctggcaccag gccccggaca ccgctctgc tgcaggagaa tggctactca120
tcacacgctg tggatgggac tggccctgct gggggtgctg ggcgacctgc aggcagcacc180
55 ggaggcccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttcctgg ggcgctggtt240
cagcgcgggc ctgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tgggtggctc aacctgacct ccaccttcct360
caggaaaaac cagtgtgaga cccgaacct gctgctgcag cccgcggggg cctcggctc420
ctacagctac cggagtcccc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
60 ctacgaccag tacgcgctgc tgtacagcca gggcagcaag ggccctggcg aggacttccg540
catggccacc ctctacagcc gaaccagac cccagggct gagttaaagg agaaattcac600
cgccttctgc aaggcccagg gcttcacaga ggataccatt gtcttctctgc cccaaaccga660
taagtgcctg acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc ggccagccag720
gtgaccccca cgctctggat gtctctgctc tgttccttcc ccgagccctt gccccggctc780
65 cccgccaaag caccctgccc cactcgggct tcctcctgca caataaactc cggaagcaag840
tcagtaaaaa aaaaaaaaaa gggaaagagg ggtgaggga 879

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

ctgagccgcc tgatttattc cgggtcccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcgggggtctg 60
agcagcccag cgtgcccatt ccagcgcccc cgtccccgca gcatgcgcgc cccccgcctg 120
ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gccccagcc tcctcgctgc cctggatata 180
tgttccaaaa acccctgcc caacgggtggg ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
ggagatgtct tcccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgcggg caaccactgt 300
gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctcacagata 360
gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
cgctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tgggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
agccgcttgg ccagtcata gaacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaattga 600
cacgaattcg atttcataca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtttgt gggtaactgg 660
aacaaaaacg cgggtgcatgt caacctgttt gagacccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
ttgtacccca cgagctgcc caacggcctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagata 840
acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatctct tcagctggaa cccctcctat 900
gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggttg cggggagcta cggtaacgat 960
cagtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggaggatg caggcatcat caccagggg1020
gcccgtaact ttggtctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgcta cagtaatgac1080
agtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc1140
aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
gtgcgcaccc tgctgttagc ctggcacaac cgcctgcgcc tgcgcctgga gctgctgggc1260
tgtagtgagg cactgccac cccagggtct tcctgcttcc catgggcccg ctgcctcttg1320
gcttctcagc ccttttaaat caccataggg ctggggactg gggaaggagg ggggtgtcag1380
aggcagcacc accacacagt caccctccc tcctcttttc ccacctcca cctctcacgg1440
gccctgcccc agcccttaag ccccgcccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aagggcaaag tagggcgtgt1560
ggtttccctg cccctgtccg gaccgcgat cccagggtgc tgtgtctctg tctctctag1620
cccctctctc acacatcaca ttcccatggt ggcctcaaga aaggcccgga agcgccaggc1680
tggagataac agcctcttgc ccgtcggccc tgcgtcggcc ctgggggtacc atgtggccac1740
aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac ttccccttgt ctccttggtt gcctctcttg1800
ccccttgtcc tgaagcccag cgacacagaa ggggggtggg cgggtctatg gggagaaagg1860
gagcgaggtc agaggagggc atgggttggc aggggtggcg tttggggccc tctatgctgg1920
cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaatatat ttatcttctt caccgggaaa1980

```


aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

35 aaaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60
   caataagttt gaaccttttt ttttgaaca gcagtcacag tattctcaga gcatgtgtca120
   gagtggttgt ccgtaacct ttttgtaaact actgcttgac cgtactctca catgtggcaa180
   aatatggggt tttgaaagt ttttttcttc gtccttttgg tttaaaaagt ttcacgtctt240
   ggtgcctttt gtgtgatgcg ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gaggacatg300
40 ctcacctcta gccttaaggg gggcaggag tgatgatttg ggggaggctt tgggagcaaa360
   ataaggaaga gggctgagct gagcttcggg tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
   acaaaatctg aactctcaaa agtctatatt ttttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480
   ttcaggagtt ggaatgttgt agttacctac tgagtaggag cgcatttttg tatgttatga540
   acatgcagtt cattatatttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaaacaaa600
45 gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtgt660
   atatccttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
   atagctcgtg cc                                     732

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 691 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

10

```
attgcagctg caaggtactc tggtagtca ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
tttgttggca ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagccca120
gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgtagttac cttatagtta180
ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatactta cccagacta240
gatgtagtat tttttgtata attggatttc ctaatactgt catcctcaaa gaaagtgagt300
gtatttggaa ataaagtcag atggaaaatt cattttttta attcccgttt tgtaactttt360
tctgataaaa gatggccata ttaccctttt tgggccccat gtatctcagt accccatgga420
gctgggctaa gtaaatagga attggtttca cgcctgaggc aattagacac ttggaagat480
ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagtg ctcttttctc540
ctcactgtat ccaggttccc tcccagagga gccaccagtt ctcatgggtc gcactcactc600
tctcttctct ccagctgact aaactttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
tagaataaag gcagttttct aaacttctct t 691
```

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

```
gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
tgggcctgca attggggggg aggtttggtt ggaagggagg ttggatgact gagaaggttg120
ttttcgagca gacaaaggtc atcgagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggcc attggtactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggatggctga agtccaacgt ctctgatgag gtggctcaga300
gcaccctgat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360
agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttcctt caagcccga ttcgtggaca420
tcatcaatgc caacaatga gcccatcca tcttgcttac ccttcctgcc agggcaggga480
ctaagcaggc gagaagccca gtaactgctt tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540
atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc 579
```

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 968 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```
cccaccctcc ctaatttcca ctccccccac ccacttgc ctgccgcggt cgggtccgag 60
gcctgcgctg tagcgggtgc cgccgttccc tggaagtagc aacttccta cccacccca120
gtcctggtcc ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctcagaggag gtgtcctgga180
tttctgtggt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240
tccaggacaa atttaattct actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaagctc300
tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagt360
acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420
ccaaccgtgg catcgcccag atgttggaag agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480
ctcgtgtgta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cctttcagac atcccaggtg540
aagccatggt gaagctctac tgccccaaagt gcatggatgt gtacacaccc aagtcacaa600
gacaccatca cacggatggc gcctacttcg gcaactggtt ccctcacatg ctcttcattg660
tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagtt tgtgccagg ctctacggtt720
tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780
cagtcaagac gattcgtctg ttccctcccc cacctgtcct gcagtctttg acttttcctt840
tcttttttgc caccctttca ggaaccctgt atgggtttta gtttaaatta aaggagtcgt900
tatcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaa 968
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1175 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

gccccgccccg cgtcagtcctg cgcgggtgatt cactccctcc ttgcgccccgg ggcccccttc 60
 ccggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagcgtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
 agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccatgcca tggcggtatc tgagcgcctc 180
 tcggctcctg gctgctgggc cgcctgcacc aacttctcgc gcactcgaaa gggaatcctc 240
 ctgtttgctg agattatatt atgcctgggtg atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
 ggctactcct ccctgtcggg gattgagatg atccttgctg ctattttctt tgttgctctac 360
 atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttccga 420
 accctcatag cggcaatcct ctacctgac accctcattg ttgtccttgt tgagagagga 480
 aaccactcca aaatcgctgc aggggtactg ggcctaactg ctacgtgcct ctttggttat 540
 gatgcctatg tcaccttccc cgttcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
 gcagatggcc cgggtgtaggc gaacttccct catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
 tccattgaaa taactcctcc ccaccccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
 ccctctttga ggtaaaagtg cctttatttg gagacttttg tcttccagcc tgccaatcaa 780
 ccctcctggg tgtggccacc atatgtgtgt gcctaggtcc tccttctgca cgatccaata 840
 ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaagt cacaaaatga gggaagtggg 900
 gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctctcgggtg 960
 tgggtggtgg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaat atacgataat 1020
 gaataaagta atcctttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatacaggag ggggaaatgg 1080
 agtggaacaa gctggggcaa ggaggcaaa aagccaggcc tgttttataa caaatattaal 1140
 ttacttcaat aatgcaaacg agaggccccg tgcgg 1175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

5  acctgcacca ggagacactg ggaggttttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
   cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgcga ggaaatagaa120
   acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactga180
   gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt240
   ctcaaaccctt cactcaacac ttccttcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg300
10 aggtggctgt gctgggggca cccccagca ccaccttcc aaggtccacc gtgatcaaca360
   tccacagcga gacctccgtg cccgaccatg tcgtctggtc cctgttcaac accctcttct420
   tgaactggtg ctgtctgggc ttcatagcat tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga480
   agatggttgg cgacgtgacc ggggcccagg cctatgcctc caccgccaag tgcctgaaca540
   tctgggccct gattctgggc atcctcatga ccattggatt catcctgtta ctggtattcg600
15 gctctgtgac agtctaccat attatgttac agataatata ggaaaaacgg ggttactagt660
   agccgcccac agcctgcaac ctttgcactc cactgtgcaa tgctggccct gcacgctggg720
   gctgttgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctagatacag cagtttatac ccacacacct780
   gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg840
20 ggaaaaaggg g

```

851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

ctcgagccgt tttttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatctagga attgtcaaag agaagattcc 120
55 aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tctgtctttg agaataagca 180
   cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
   ccaaactttg aaatgtttga cttctcagtg ggctgtccct ctccactgca accccccttc 300
   ctccagcctc ctgaaacatc gcactatcct ttggtaaagca attccatata gatagctggg 360
   ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaaagt 420
60 ctaatagaga acagttttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaaatcga 480
   cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtatc tacagatgat gcagaaaaga 540
   ggttagggga gtactttcca atagtttatt gtattttctt aaatatcctt tctggaattt 600
   tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaact cagagtgtc 660
   caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca aacaaacaaa caaataactt 720
65 acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
   tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcactctgtg gctcagcctc 840

```

gctctcaciaa acctccctcc tgccgcccct ccccaaccct ccccccgctt tgtgttctta 900
aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagt ttgtaccccc tccccctccc 960
ccctttaata ctgaatgaga tcgaatgtta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
aaaaggtcca acgttccggt cgccgggg 1049

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

35

aatacaactg ccttgctccc atcctctact tcgcatctta gaaagccgc ctcataagtg 60
aacgcttgac ttctcaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
gcttctcagc gcattcagca gcagcgttgc tgtaaccgac aaagacacct tcgaattaag 180
cacattcctc gattccagca aagcacgcga acatgacgga aatgagcttc ctgagcagcg 240
aggtgttggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc ggggttgggg gctgaagaaa 300
gcctaggtct cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
ccagcgacaa ggctaaggcg ggctcctccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
cctccaacaa cagcaaggag gatgccttct ccgggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
atgtgaagga gttcgacttg gatgcctgtg tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
atgaccttct gaccacgttg gatgacactt gtgatctctt tgcccccta gtccaggaga 600
ctaataagca gccccccag acggtgaacc caattggcca tctcccagaa agtttaacaa 660
aaccgaccca ggttgcccc ttacacctct tacaacctct tcccccttcc ccaggggtcc 720
tgtcctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatcactg 780
aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcattctgtat gagcccagag tcctatctgg 900
ggtctcctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccattctccag 960
gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaac cttacgatcc tcctggagag aagatggtag1020
cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actggtgagt1140
gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggcggattcc ctggccaagg1200
agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaagg1260
tccccatgtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgt acatagagtg ctgtagctgt1320
gtgttccaat aaattatttt gtagggaaag taaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaa 1375

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

65

- (A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttttatga atggaagcaa aactttattc 60
ctcttggctg gagaagagaa ctagtgggtg gttgtgtaca ggaccccat ccctcacc 120
tcccagaacc aaagaagaca agcagcgcca ccaaattggc ccctctgccc aagtgaagc 180
cgagaggtca gcggtggct ggggaggcag gtgagcgag cacggcacag ggcagggcg 240
gctgcagtga caggcgggcg gccagggcg cctgggcgg ggttgagggg aagagggcg 300
ggctgcttgg gtagcggggc aggttgggg gctgcccgg ggcacggg ccagactcag 360
ggcaccacaa cgcggtagg gctgcctgg atgtgctgt ccccccattt gaccaccagt 420
gtgtactccc cctgtcctt gagcaggtag gacacgtgt agagccggt gccacgtgc 480
ttcaccagga tctcctcgca gggggtcctt gggccatgaa cccccaccag cagcatgtt 540
ttgcctgctt tgctgcagtc tactgtgaag ctgctcttct ggcctacgta ggcctgtct 600
agccccaggc ccttgccac caccttgtg gcgtcagcag gccaggacc cggggcccca 660
tgctgggggg cacaggtggc cttggtcaga gactctacaa aactgatga tgtctcgtg 720
aggctgtggt tgctgacgag acgggggcct gtgactttgg cttgaagg gctgcccc 780
atgtggtagg ggccgccgta cttgatggag atgaggtagc tgccagggtc catgggggt 840
taggtgacgc ggtagccctc agggcactcc tggcaatcca tcttcacctt ggaggggccc 900
tcaatggtca ccgacagggc accagctccc gcattgctcg tgttcacgac gaactcagc 960
gggttccctg tgacaccgcc ttccagacct gctccgtaag cagacaccaa gcctgggtcc 1020
cctccatgcc caggtcccc aactcggatc ttgaaggggc ttccagggat gtgggtgccg 1080
ttgaacttga cgtcaatcag gtaaacgcca ttctcccag ggatgaagcg cacagcatac 1140
ttatcttggc caatttctgt gacatagcac tctccaggg ctctgagg gctgtgcacc 1200
ttggcatcga tcgccccctt ggccccgttc aggtgactg caaaagaggc tggctggtt 1260
accttttagc ctgactcctg aaggctagaa acagtgaggc ggcgggcgtc gccagacgga 1320
gaagccacag gcaccacgaa ggggctgtcg ggaatgtgtt cctcgttgaa cttgactgag 1380
acttcgtagt cacctggctc ctggaccaca taagccacac cacaggagcc gtccttgagg 1440
tcctcaaaag agatctcagc cttgctgggg ccctcgacag caatggccag gcctccagca 1500
ccagcttccc ggggtccagat actgaattcg gctggcactc cagcttcagc tctctccagg 1560
ccagggcccc cagctcggac cttgtgggct ccccttccc ctaggggccc cacggtgaac 1620
tggaaggggc tcccaggcac gtgctggccc ttgtacttca cgctgactgt gtgtgtgccc 1680
atctcagcgg gaacaaagcg gatgcagtag gtgtggttct ccccttccac gatctcggcc 1740
tcattgggtc tgcccgatgg gctggtcacc tgggctgtca tatcctggat gctaatttca 1800
gggattttca ggctgaggtc acaatgacta ccaacgttgg ccaactgaag agcccgacgc 1860
ctgcgggtga tgctctcttt caccggccc tcgcctgtca ccttcacaga gaaggggctg 1920
ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgatg ttgatgatg agttgcctgg ctctgtgggg 1980
cagtaggtga ccctgcacgt cccgtcctcc aggtcctctg tgttgatgtc caccttgcct 2040
gggccctcaa tggacaggct gagcccacca tagcctgcat cgcggtatc aatgataaac 2100
tctgcaggct caaagggtgt gccttcgtga aggccctgac cagagaccgg aacacgactg 2160
gcatcccaa tttccgactg gctgatcacc accgggatgg ggctgctggc cacgtgctgg 2220
ccatttttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctcct tgggcacgaa tgaaatcccc 2280
acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa cagggtcct cccggccgga gggcgggacc 2340

```

acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400
 gagccgacct ttaggtggga catacgcatt gagtcctcac ctg 2443

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2693 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gactacgtgg agcccagcca gaacaccatc tccctgaaga tgatcccacg catcgactac 60
 gatcgagca aggcccgcat gagcttgaaa gactgggttg ccaaaaggaa gaagtttaag 120
 cggcctccac agaggctgtt tgatgctgag aagatcaggt ccctgggggg tgatgttgcc 180
 tctgatggtg acttcctcat ctttgagggg aaccgttaca gccggaaggg ctttctgttc 240
 aagagcttcg ccatgtctgc tgtgatcacg gaggggtgtg agccaacact ctctgagctg 300
 gaaaagtttg aggaccagcc agagggcatt gacctggagg tggtgactga gagcacaggg 360
 aaggagcggg agcacaactt ccaacctggg gacaacgtgg aggtctgtga gggtagctc 420
 atcaacctgc agggcaagat cctcagcgtg gatggcaaca agatcaccat catgccaag 480
 catgaggacc tcaaggacat gttggagttc ccagcccagg aacttagaaa atacttcaag 540
 atgggggacc acgtgaaggt gattgctggc cgattcgagg gcgacacagg cctcattgtg 600
 cgggtggagg agaatttcgt taccctgttc tctgacctca ccatgcatga gctgaagggtg 660
 ctcccccggg acctgcagct ctgctcagag acagcatcag gtgtggatgt tgggggccag 720
 catgaatggg gcgagctggg gcagctggat cccagactg tgggtgtcat cgtgcgacta 780
 gaacgggaga ccttcaggt gctgaacatg tacgggaagg tggtgactgt cagacatcag 840
 gctgtgacc ggaagaagga caaccgcttt gctgtggcct tggactcaga gcagaacaac 900
 atccatgtga aagacatcgt taaggtcatt gatggcccc actcaggccg agaaggggag 960
 attcgccatc tcttcogaag cttcgccttc ctacattgca agaaactggt ggagaacggg1020
 ggcatgtttg tctgcaagac ccgccacctg gtgctggctg ggggctcaaa gccccgtgat1080
 gtgaccaact tcaccgtggg tggctttgcg cctatgagtc ccggatcag cagccccatg1140
 caccaccagt ctggaggtca gcgtggcggc tttggtagcc caggtggcgg cagtgggtggc1200
 atgagcaggg gccggggccg gagggacaac gaactcatcg gccagaccgt gcgcatctcc1260
 caggggccct acaaaggcta catcgggtgtg gtgaaagatg ccacagagtc cacggcccgt1320
 gtggagctgc actccacctg ccagaccatc tctgtggacc gtcagcggct caccacgggtg1380
 ggctcacggc gccggggcgg catgacctcg acctatggga ggacgccc atgtatggctcc1440
 cagacgcca tgtatggctc tggctcccgga acacctatgt acggctcaca gacaccctc1500
 caggatggta gccgcacccc acactacggc tcacagacgc ccctgcatga tggcagccgc1560
 actcctgcc agagtggggc ctgggacccc aacaaccca acacgccgtc acgggctgag1620
 gaagaatatg agtatgctt cgatgatgag cccaccccg ccccgaggc ctatggggga1680
 accccaatc cccaaacacc tggctaccca gaccctcgt cccacaggt caaccacaal740
 tacaaccgc agacgccagg gacgccggcc atgtacaaca cagaccagtt ctctccctat1800
 gcggggccct cccacaagg ttcctaccag cccagcccca gcccccagag ctaccaccag1860


```

gtggcgccaa gccagcagg ctaccagaat accactccc cagccagcta ccacctaca1920
ccgtcgccca tggcctatca ggctagcccc agcccgagcc ccgttggtta cagtcctatg1980
acacctggag ctccctcccc tggtaggtac aaccacaca cggcaggctc aggcacgag2040
5  cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcaggtga aggtgcggga cacctacctg2100
gatacacagg tggtagggaca gacaggtgtc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcatttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
acccccacca agaacaacaa ggtgaaagtg atcctgggcg aggcacggga agccacgggc2280
gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtccgta tggaccttga tgagcagctc2340
10 aagatcctca acctccgctt cctggggaag ctccctggaag cctgaagcag gcagggcggg2400
tggacttcgt cggatgaaga gtgatcctcc ttccttccct ggcccttggc tgtgacacaa2460
gatcctcctg cagggtcagg cggattgttc tggatttcct tttgtttttc ctttttagttt2520
tccatctttt cctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctgggg gaggtccccc2580
accttcctgt acctcctccc cacagcttgc tttgtttgta ccgtctttca ataaaaagaa2640
15 gctgttttgt ctaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2693

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

```

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
    (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
    (B) TYP: Nukleinsäure
    (C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

```

```

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
    hergestellte partielle cDNA

```

```

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```

```

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```

```

45 (vi) HERKUNFT:
    (A) ORGANISMUS: MENSCH
    (C) ORGAN:

```

```

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

```

```

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```

```

taaattcgcg gccgctcgac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
tggtoctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgtca gagtcccccc aacctcact120
50 gtttcccgtt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
gcttggggccg ggcactgagg cgccccacat atgctgagag cagggggaac gcatccaggc240
agccagggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag caggtttagt tcagcgaagg300
agatctggtc tcccacaatg aaggtcttgc ctccctgggt ctgggacagc aggggtctcaa360
aaggcttcag ttgcccgggc agtgccctca catagtcac cttgcccggc tcatagttgg420
55 tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcattc acctgtcca480
ccagggtgc ctctgctgg tccttcccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
ggatgggtatt ggactggtac aggggtgaggt ctccgtcctg gaacttgggg agctgcccgt600
ataggcagga ggctttgagt gagccctcct gccacgtctc cacggtcacc acctcctcct660
60 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgccgagggc cgcgcagcgg cctcgaactg720
ggaaatagac cacggtgtag ggccgcatgg tggcgaagac tgcggcggcg aaactccagc780
gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtggtcccg ccccgctccg cccagtgct840
gagtcacggc gccggccgct cttctggagg gtccccgc 877

```

```

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

```

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```
ccctctctct cagcgtcttc tttcctacaa ccctctctcc tcagcgcttc ttctttcttg 60
gtttgatcct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatgggtgt120
ccaccttcca caagtactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcagaac180
taaaggagct gctgaccgag gagctgcccc gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
ctttccagaa gctgatgagc aacttggaca gcaacaggga caacgagggtg gacttccaag300
agtactgtgt cttcctgtcc tgcategcc tcatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360
cagataagca gccaggaag aaatgaaaac tcctctgatg tggttggggg gtctgccagc420
tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt ttttttttcc accctggctc cttcagacac480
gtgcttgatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttggaag ttttaaaaaa aaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa 548
```

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

5  tggaaacata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacagggg ggggccagga 60
   tctgctgctg gcaactgccc tctggcgag ccgcgcctac ggggcccctg cccagggcca 120
   ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
   gcaggtgagc ctgagagtcc acggcccata ctggatgcac ttctgcgggg gctccctcat 240
   ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgcgtggga ccgga'cgtca aggatctggc 300
10  cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
   agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgcccaga tcggagcgga catcgccctg 420
   ctggagctgg aggagccggt gaaggtctcc agccacgtcc acacggtcac cctgccccct 480
   gcctcagaga ccttcccccc ggggatgccg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
   aatgatgagc gcctcccacc gccatttcct ctgaagcagg tgaaggtccc cataatggaa 600
15  aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgcctaca cgggagacga cgtccgcata 660
   gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccgaggag actcatgcca gggcgactcc 720
   ggagggcccc tgggtgtgaa ggtgaatggc acctggctgc aggcgggctg ggtcagctgg 780
   ggcgagggct gtgcccagcc caaccggcct ggcactaca cccgtgtcac ctactacttg 840
   gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggcctggggt ggccacctgg 900
20  gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg ctctctaccc aggtggcgac 960
   tggcccccac accttccttg ccccgctctg agtgcctctt cctgtcctaa gccccctgct1020
   ctcttctgag ccccttcccc tgctctgagg acccttcccc atcctgagcc ccttccctg1080
   tcctaagcct gacgcctgca ccgggccctc cggccctccc ctgccaggc agctgggtgg1140
25  gggcgcta'at cctcctgagt gctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa1200
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                     1221

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 252 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

   cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggctga ccacagagca catcaaaaga 60
   ggccccactg ct'cagtggag cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120
60  catgagagag acaggcaggt caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccgagcgg180
   cgaacaggag tgggtctcagc tgaagctcga ggcctgactg atgagacgag gcttgggatg240
   tccagagcag ac                                     252

```

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 733 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

```
gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
aatacaaaaa aattggctgg gtgtggtggt ggggtgcctgt agttccagct gctcaagagg120
ctgaagcaca agaatcgctt gaaccagga ggtggagggt ggagtgaagg aagatcaagc180
tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaagaa ataataataa240
taagacaaaa gagacaaggt ctccaggctg gtcaactcct ggcctcaaat gatcctccca300
cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaacatca ccatgtccag ctgtccccag360
ctttctaate tggcttttct cttgccccag aacctcaaga aggcattgaag ccagcccctg420
cagtgcgctc caccgcccc tctgggctg cctgtggctc tgttgccctc ctctgtggcg480
gcaggacctt tgtggggctt cgtgcctgc tctggggccc aggcggggct ggtccacatt540
cccaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600
cttggtgact cgccccacca ccccagccc tgtccctgcc acccctccta gtggggacta660
gtgaatgact tgacctgtga cctcaatata ataatgtga tccccaccc aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaaa aaa 733
```

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

10
cttctcccggt tttctttttt tctttttttt cttttttttt ttttttttta aatttgacca 60
aaaaaaattt attgtacaat taccaccac tggatttgac tcagagagga ccccagagg120
gtgtctccat ctccctatt tattttcagc ccttgagggc ttcattgtag atcaaagcca180
aggcccccag gaaggtgaca tactcctgga agttcacctc ctggctcctg ttccgggtcca240
15 agtcttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct300
tctggatcag ctccctcagc tccttcttgc tcagggtgtg cttgtcacc cccctgccgg360
agtacttggt gaagatggc acgaggagg caatggcctg atccagggg catgccatgg420
ctgaggggct ggcttgagc ggtagggagg cggccaaatg cgacgcgagc ggtcgagggg480
atgggctgtg tcgcagtcg actggcctta tagcggtcgg tgccccggag gccagctcgg540
20 ccaagccac ccgcccgc caagtccgc ccgcgcccc cctgcgcgc tggcttacac600
aacgcacatt cgcggtttac cccctcgact ttcacgcct cctgcccgg gctgttccgg660
gttaggacgg gatgggggag ccagcagtg cccactgcac gcctggtgac gagtctcccc720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2124 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

55 caaacacgag ggtcagctga tccggcccaa ctgcggcgct acccggtat aagcgcacgg 60
cctcggcgac cctctccgac ccggccgcgc ccgccatgca gccctccagc cttctgccgc 120
tcgccctctg cctgctggct gcacccgcct ccgcgctcgt caggatcccc ctgcacaagt 180
tcacgtccat ccgcccggac atgtcggagg ttgggggctc tgtggaggac ctgattgcca 240
aaggccccgt ctcaaagtac tccagggcgg tgccagccgt gaccgagggg ccatttccc 300
60 aggtgctcaa gaactacatg gacgccagc actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360
cccagtgcct cacagtcgtc ttcgacacgg gctcctccaa cctgtggggt ccctccatcc 420
actgcaaact gctggacatc gcttgctgga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
gcacctacgt gaagaatggt acctcggttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540
ggtacctgag ccaggacact gtgtcgggtc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgccc 600
65 tgggcggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
ccttcacgc agccaagttc gatggcatcc tgggcatggc ctacccccgc atctccgtca 720

```

acaacgtgct gcccgctctc gacaacctga tgcagcagaa gctggtggac cagaacatct 780
tctccttcta cctgagcagg gacctcagatg cgcagcrggg yjcgagctga tgctgggtgg 840
cacagactcc aagtattaca aggtttctct gtccctacctg aatgtcaccg gcaaggccta 900
ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggccagcggg ctgacctgt gcaaggaggg 960
ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatggtg ggcccgggtg atgaggtgcg1020
cgagctgcag aaggccatcg ggcccggtgc gctgattcag ggcgagtaca tgatcccctg1080
tgagaagggtg tccaccctgc ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct1140
gtccccagag gactacacgc tcaagggtgc gcaggccggg aagaccctct gectgagcgg1200
cttcatgggc atggacatcc cgccaccag cgggccactc tggatcctgg gcgacgtctt1260
catcgccgc tactacactg tgtttgaccg tgacaacaac aggttgggtc tcgccgaggc1320
tgcccgctc tagtteccaa ggcgctccgc cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag1380
agcaggaggc ccctggccca gcggccctc ccacacacac ccacacactc gcccgccac1440
tgtcctgggc gccctggaag ccggcggccc aagcccgact tgctgttttg ttctgtggtt1500
ttcccctccc tgggttcaga aatgctgcct gectgtctgt ctctccatct gtttgggtgg1560
ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tctgtcattg gaagacccca cccaagcttg1620
gcagccgagc tctgttatcc tggggtccc ttcctctcca gggagtcccc tccccggccc1680
taccagcgc cgctgggctg agccctacc ccacaccagg ccgtcctccc gggccctccc1740
ttggaaacct gccctgcctg agggccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc1800
accctacctg ttcagtgtcc cgggccctg gaggatgagg ccgctagagg cctgaggatg1860
agctggaagg agtgagagg gacaaaacc accttgttg agcctgcagg gtggtgctgg1920
gactgagcca gtcccagggg catgtattg cctggagggt gggttgggat tgggggctgg1980
tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgcctcccc ttgggcggct gagagcccca2040
gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggccctccct caaaaaaaa aggagaaaag2100
aaaaaggcgg ccgccgacta gtga 2124

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 928 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cggacgggtg gcgcctgctg gcctcccctt acagtgcctg ttcggggcgc tccgctggct 60
tcttggaaca ttgcgccatg tgtgctgctc ggctagcggc ggccggcgcc cagtcgggtg120
atgccttctc ggcgcgcccg ctggccggcg gggagcctgt gagcctgggc tccctgcggg180
gcaagggtact acttatcgag aatgtggcgt ccctctgagg caccacggtc cgggactaca240
cccagatgaa cgagctgcag cggcgccctc gaccccgggg cctggtggtg ctcggttcc300
cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
agtacgtccg gcctggtggt ggggttcgagc ccaacttcat gctcttcgag aagtgcgagg420
tgaacggtgc gggggcgcac cctctcttcg ccttccctgc ggaggccctg ccagctccca480
gcgacgacgc caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc540

```


gcaacgatgt tgcttgaac ttigagaagt tcctggtggg ccttgacggt gtgcccctac600
gcaggtacag ccgcccgttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt660
ctcaagggcc cagctgtgcc tagggcgccc ctctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
5 gctgctgtct cgggggggtt ttcattatg aggggtgttc ctctaaacct acgaggagg780
aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag tttcccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaa900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 928

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

40 gcggcgtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca cctgtaaga ggccgtgcgg 60
gaagtcctgc acgggaacca gcgcaaggcg cgcaagttcc tgggagacgg tggagttgca120
gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtcca ctttcccggc cctaaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggaccca240
45 gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttgga ataatcccc ccaacat 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

- 60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```
agcaggaggt tttcaaccta gtcacagagc agcacctacc ccctcctcct ttccacacct 60
gcaaactcct ttacttgggc tgaatattta gtgtaattac atctcagctt tgagggctcc 120
tgtggcaaat tcccggatta aaagggtccc tgggtgtgaa aatacatgag ataaatcatg 180
aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttcct gggctggacc gtttcaacag 240
agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggcttctg ggataggccc agaagttcct 300
gatgaccgcg acttcgagcc ctccctagge ccagtgtgcc ccttcgctg tcaatgccat 360
cttcgagtggt tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
gacacaactc tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aatcaaaga tggagacttt 480
aagaacctga agaaccttca cgcattgatt cttgtcaaca ataaaattag caaagttagt 540
cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
aaggaattgc cagaaaaaat gcccaaaact cttcaggagc tgcgtgccc tgagaatgag 660
atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
ggcaccaatc cgctgaagag ctcaggaatt gaaaatgggg ctttccaggg aatgaagaag 780
ctctcctaca tccgcattgc tgataccaat atcaccagca ttcctcaagg tcttcctcct 840
tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
aaaggactga ataatttggc taagttggga ttgagtttca acagcatctc tgctgttgac 960
aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttgacaa caacaagctt1020
accagagtac ctggtgggct ggcagagcat aagtacatcc aggttgtcta ctttcataac1080
aacaatatct ctgtagttgg atcaagtgac ttctgcccac ctggacacaa caccaaaaag1140
gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcagc aaccgggtcc agtactggga gatacagcca1200
tccaccttca gatgtgtcta cgtgcgctct gccattcaac tcggaaacta taagtaattc1260
tcaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat1320
aaataaaagc tagatactgg aaacctaaact gcaatgtgga tgttttacc acatgactta1380
ttatgcataa agccaaattt ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc1440
tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat1500
attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaagc1560
ttttcttttt taatttccag gaaaaataa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga1620
gcagttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatccccat1680
cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta1740
ctaattgtcat tattttgaaa aaataaattt aaaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa1800
aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaaagg ggggtgag 1837
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1346 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

5      cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgaggaaacc 60
10     gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
      tcaatagggt actaagatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
      gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaagg 240
      tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
      aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
15     tttagattaa aatgaagggt acttaaacag cttaaagttt agtttaaaag ttgtaggtga 420
      ttaaaataat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
      tgaaatccat gacgcagggg gaattgcgtc atttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
      cgcagacgaa aatggaaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
      gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcgaagaaa agaatagaga 660
20     agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
      gaaaagtagg aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaaatg 780
      tacaaactta gaagaaaatt ggaagataga aacaagatag aaaatgaaaa tattgtcaag 840
      agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
      aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aatgaggaa attattggta 960
25     accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
      agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
      tagaagggga agttggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
      aaaaaaact aaggcagaag gcttttggga gagttagaaa agaatagaga agatagggaa1200
      attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
30     ccctgcagtc ctactacagt ctgggggtgg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
      ctgtcagggt ccactggggg gggggg 1346

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 251 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

```

65     ggagccgcag ggcccgtagg acgcccatgg ggcgccagcc cggaatggca tgggtcttgaa 60

```

gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcgtggccac gtggttcaac cagccggccc120
gtaagatccg cagacgtaag gcccggaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggcccg180
gtgggggtccc atgcgggcca tggcgcgtg ccccaaggtt tggtagcaca cgaaggtggc240
gccggccgcg g 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
RSPASPRSAH LHLGGLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLOQVPRLL QVFLGLEARL LQVLAGTHLG LLHLLLGEGL180
LEVVAHQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPQDQGP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDG GGRSGGRPAT180
CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 5 (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
25 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 55 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
60 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 89

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDLNLWDG ESSMTGTRGE FSCLFPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

LGSRRQKGP GRMTAQALVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

65

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

25 READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPSPSSSPG LSAHDGTQVR 60
VHAGFCLGLH PSGAPRPQGQ SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
PRLFSGGSPT GMGSDSGGS QGHLEP 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- 30 (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

50 QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPSLAGARS SSHRRGFSPD 60
GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
SMQGSAAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLHHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- 55 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60
LELKVTASPD KVTKT 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

15

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

35

VQNIRYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLVKDEE TEAQRGEVPG PRPHSQNLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALPT ARWPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

40

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

60

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHLLPAS60
RGRSPPSRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

65

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

```
RPRPWFSQR  RGVAAGPHEP  PSVLVRVSPS  FATSRCAGN  WVSLPSGK  RLWEDRAPA  60
REGKVPQCVL  SGPALLQDTR  WGPCALAGGR  LQPPRPVTF  THSLSSCPPV  TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP  EASCDGRGD  TSLRGRPHGV  TRPAPMRIRP  PLHLGALAAR  FPLTPLFRVL180
LNSG                                             184
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

```
LGSRRQKGP  GRMTAQLVL  CPAKRSSCRA  PRASIRSGSG  FSEFCYQRL  CGQLGQPPVR  60
REAAVGRRP  GTRQRGEGTR  LRPFRPRVVT  GHSLGALCPC  RRQVAATAAQ  CHLHSQSEFL120
SACHALTLP  FQPPFPFRS  GLPRSVL                                         147
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVTLGRGGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGHL HHPLGQGWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSEFVL LFQMRVHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTFRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLSSAY60
CYTIRLFLLS LIVCNA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSFLSRI FGNWPLKVFP NEGQK

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEPGSARAYS120
NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAVYE DRPPGSVVPT180
SAAEASRAMA GDTSLSENYA FAGMYHVFDQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPEGRL360
WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLLINACLN420
KLLLYRVVDN EGTQLKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAPW 465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCCTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGT A SSTCWSKT 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVPSMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRG A ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVSQIF 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

APRDLTOHPR RPPGGAWAAP QSHSSTLYIC KALSAVLGG WVGREGLGQA LSSLSLWVGO 60

EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCEFNQG GASGFPOHNR SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120

LQGLPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT

152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

5

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

FFLFYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
TQLLCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
SPQPGRGNLL ANPQREGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYSRQLAST 60
EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFAQIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

60

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60
LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
QSSHQPRSQA RARRETDEPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

FFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
DTDSVDEARC KESQQAQEN LREDLCLESF AKDKILQIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
ASAL 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

SNQRTIRKGS LSLLDTGPQR GKSDLPKVVS KLLAWQEPSF LTERNISPLH CASSACPLT60
CDVTLKRPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

PLSPHWAVEG FWKGSSMARS CQGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
60 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNDWNKTAAL LTFEVLFKVW IPLAIFCFFP LTLNFNSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60
CQKAKEMPLV FSVLVLLTYS I 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDLP ALLDTSAEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLFEGYH 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 5 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: Ja

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 ERFLTTCDDGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
PCRNGGSCVQ PGRRCPCAGW RGDTCQSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120
SADGTLCPVK GGPRVAPNP TGVDSAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: Ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

GPTWPWDAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEGPAPW PSAQSPRGGF 60
WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
HQEAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQOVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRVGGHPPGG180
55 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 60 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

VQLAFVGQKS RLGSGAGHDG GGYGHLAAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARPPGRA60
AWFG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSLALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL60
LGSG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQPAPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60
TRAE 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- 5 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

25 WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRSR HCAAPALPQC ALS 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- 30 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

50 LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- 55 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHN V YSSGHHMHTG TEL

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKT M QALEKAYIKD 60
CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRK F RLDCPLAMER IKEDRPITIK120
DDKGNLNR CI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

RQCKPWR RPT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLP SGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60
WSGSRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

ALSEFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMPLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHVRD EERDHSVCDAA VEVALVVLDG DGPVLLDPLH GQRAVQAELA120
AEFVNRADF 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

RAGGGGGQYC ERGEAAQGE PQHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDPEPDS 60
RHAAAGQQVQ GPGAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALDGH180
TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGVS NFFRNWETK QGFGNIDGEY240
WLGLENIYWL TNQGNKLLV TMEDWGRKV FAEYASFRLE PESEYKRLR GRYHGNAGDS300
FTWHNGKQFT TLDRDHDVYT GNCAHYQKGG WWYNACAHN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
WAEFRGGSYS LKKVMMIRP NPNTFH 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVGIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMPAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPGRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCSRSL300
YLLASCSMSA VWFRILFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPPGSE TRAAGKRPPE DDVPRKAKRK TNKGLAHLK 60
EYKEAIDHMN FSNEIDMREF DNMAKVQDEK RSKQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
GGCRAPRRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

ISLHPQKRPQ FLFAFSLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIHIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60
FPGYIILSWA LSCSPCFTFW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

QDGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
VDQFLEDVRL QERTSGGLLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAQOG ELPREVRRAQ ARLNPSATR180
AKPGPQDTVE RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
VAPAGASYNP SFEDHQTLIS AAHEVELQRO KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLSRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPVERVCQLR 60
AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
GGPQRGLLYP QPVHSLPPPP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCKLRQA240
PPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
WPLLQKG 307

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQ GKATQ 60
VWVAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQVTC PTEYPCRHP EKVAGKCKIC120
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTTCA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

10 PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLPGVP RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPPLEAG KRNLPLDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDPGAEGHGQ SRQSDQDITK T 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

35

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTORQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLOGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

40

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

60

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60
TGHFMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

65

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear 5
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 10
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH 15
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117: 20
- SCRCFYCMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60
 SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID. No. 1-20.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist. 30
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID. No. 1-20, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID. No. 1-62, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind. 35
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist. 40
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren. 45
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert. 50
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist. 55
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen. 60
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist. 65
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-

zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 1-62 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. ORF 63-117.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 63-117, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1-20 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63-117, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID. No. 63-117.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den CDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Iricyte LifeSeq Datenbank

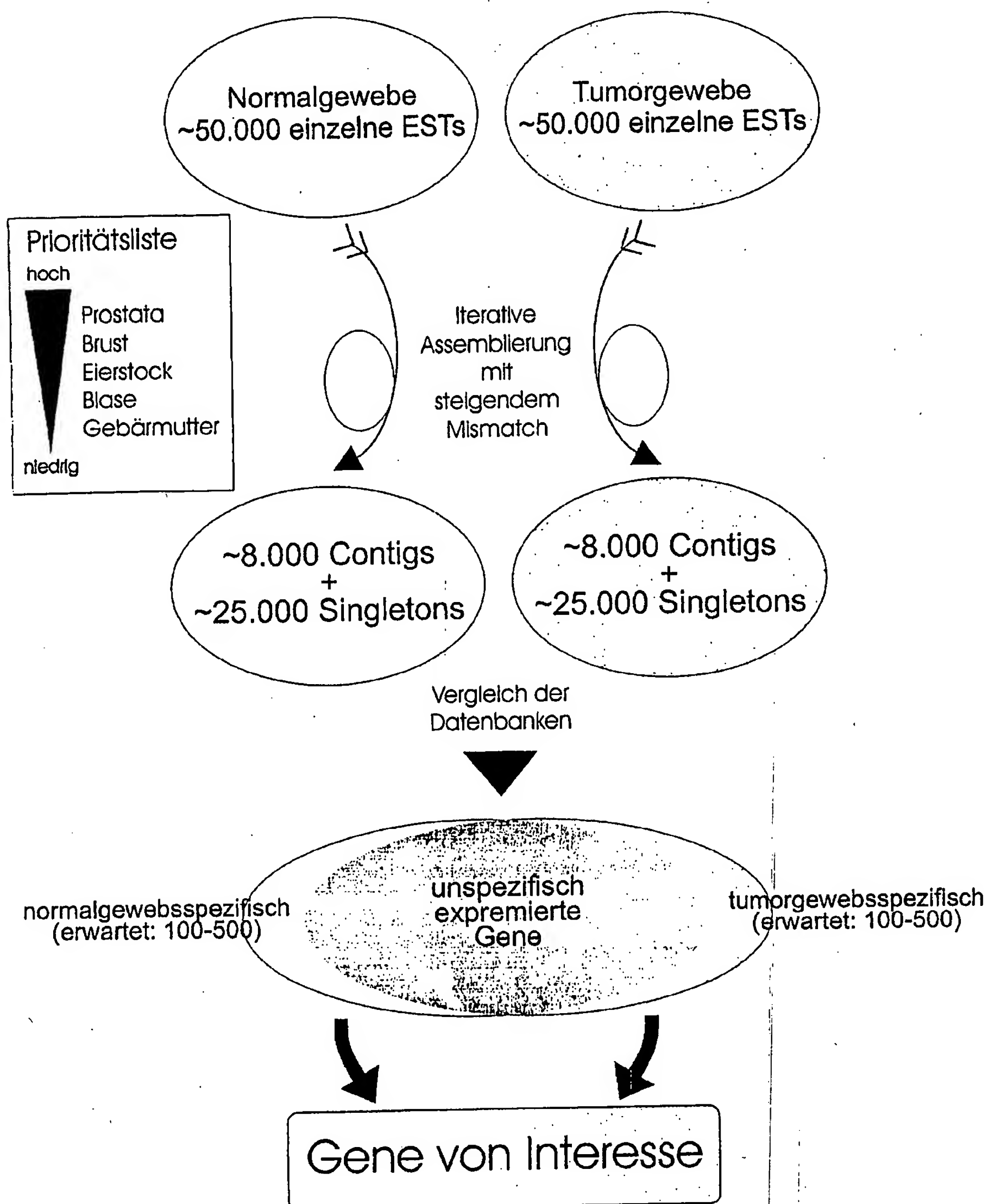


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

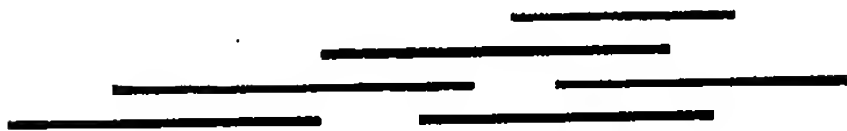
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



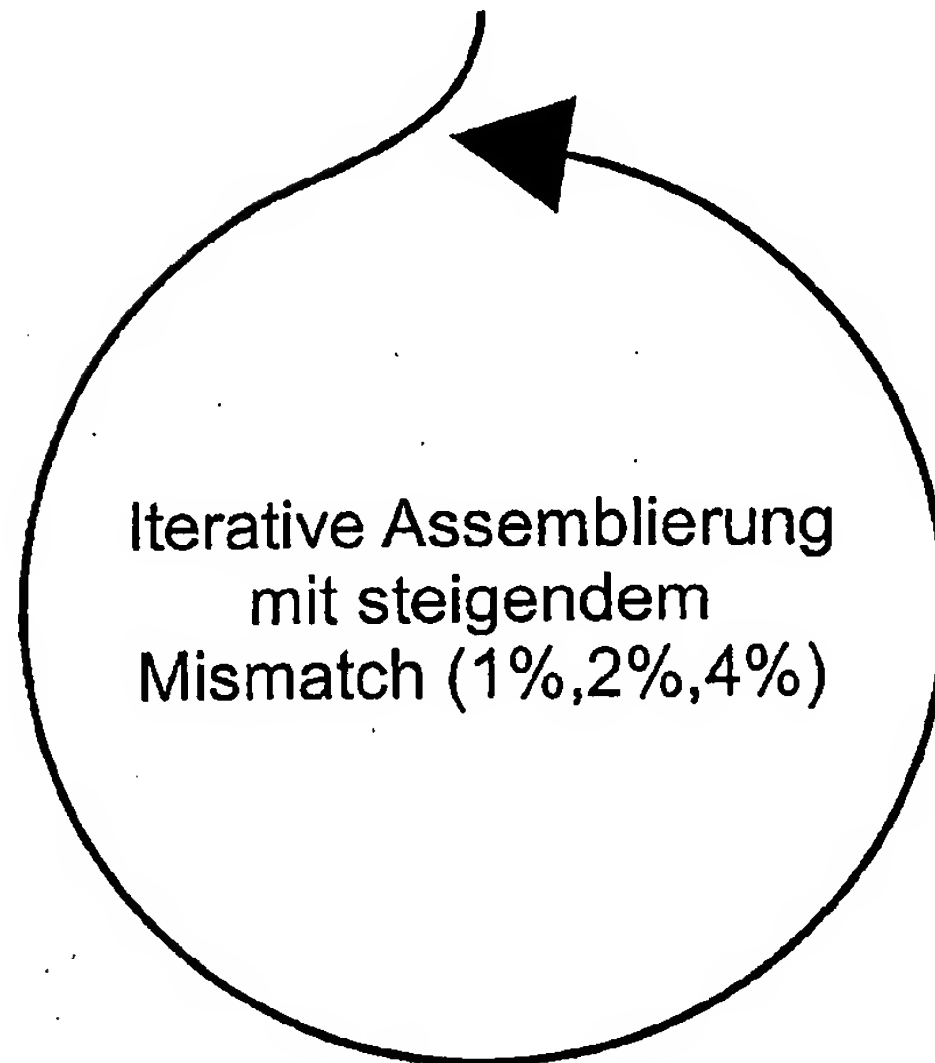
Contigs



Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

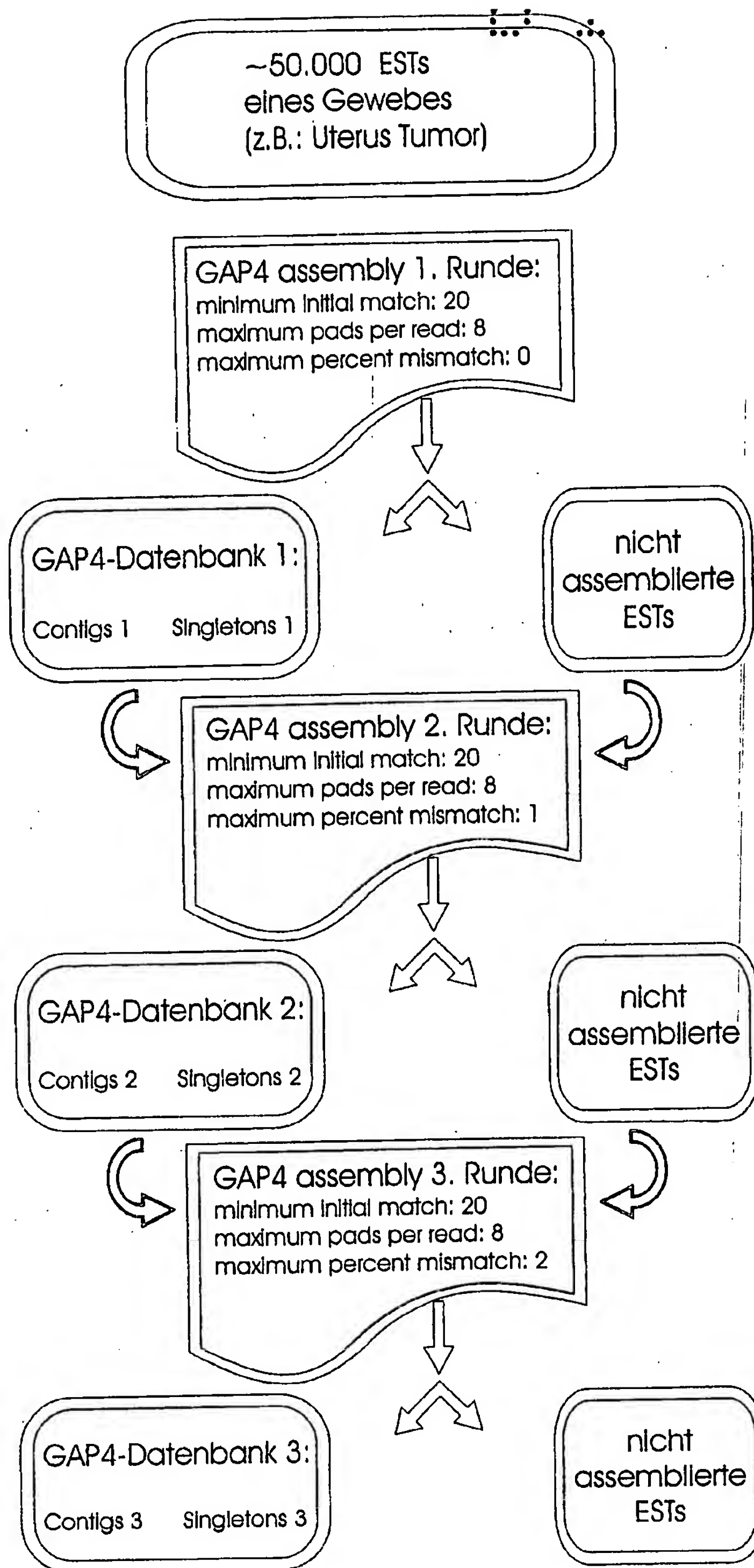


Fig. 2b1

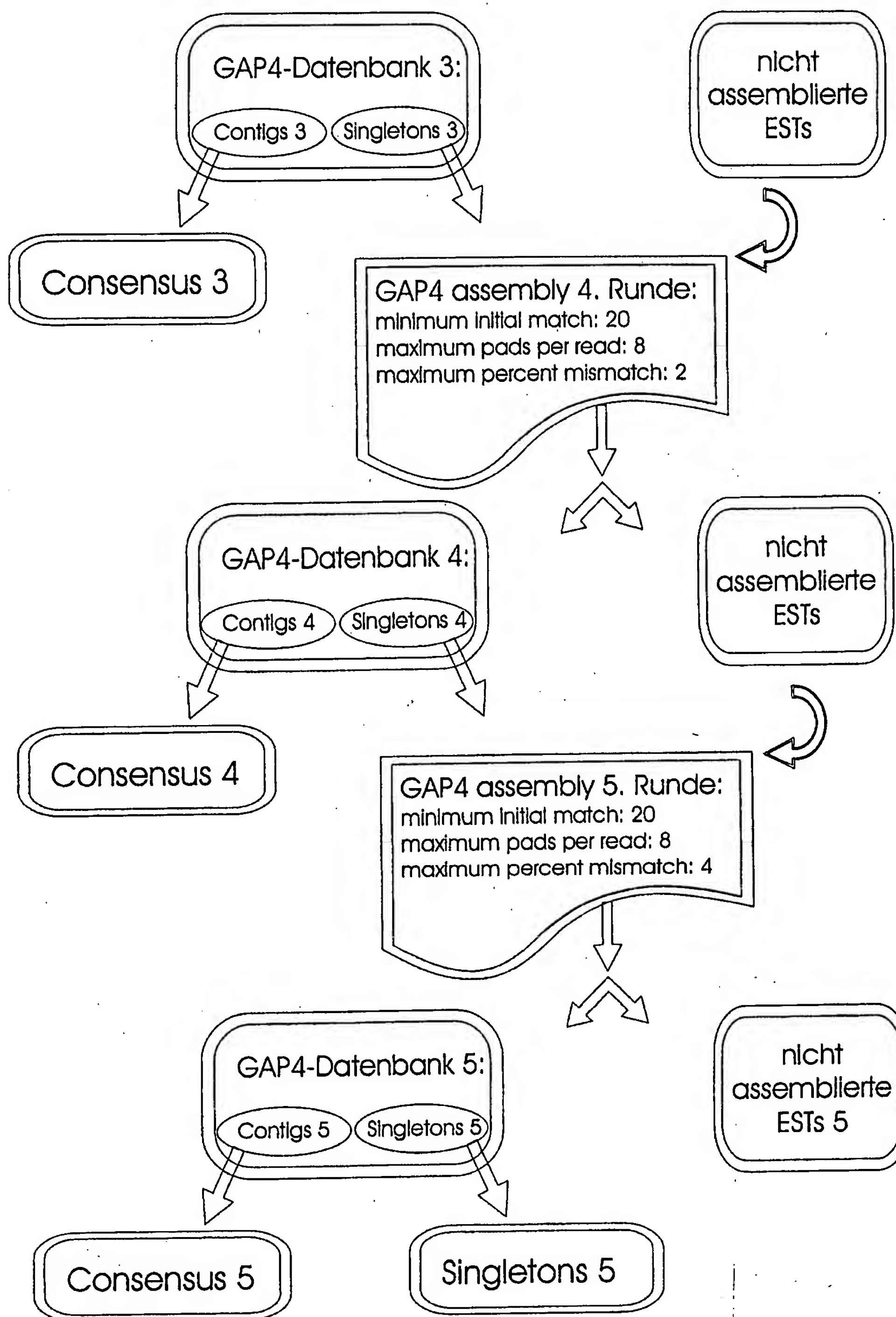


Fig. 2b2

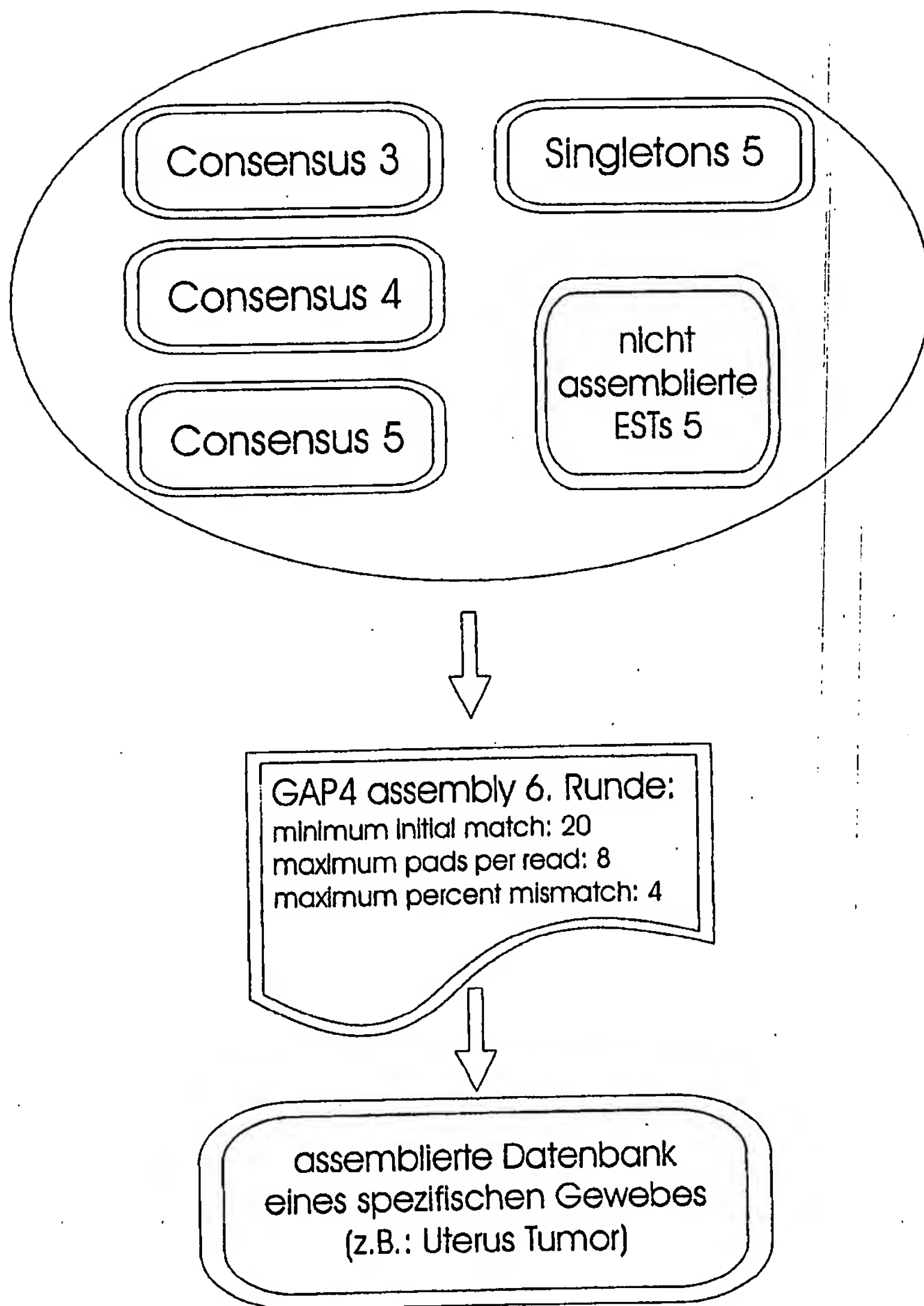


Fig. 2b3

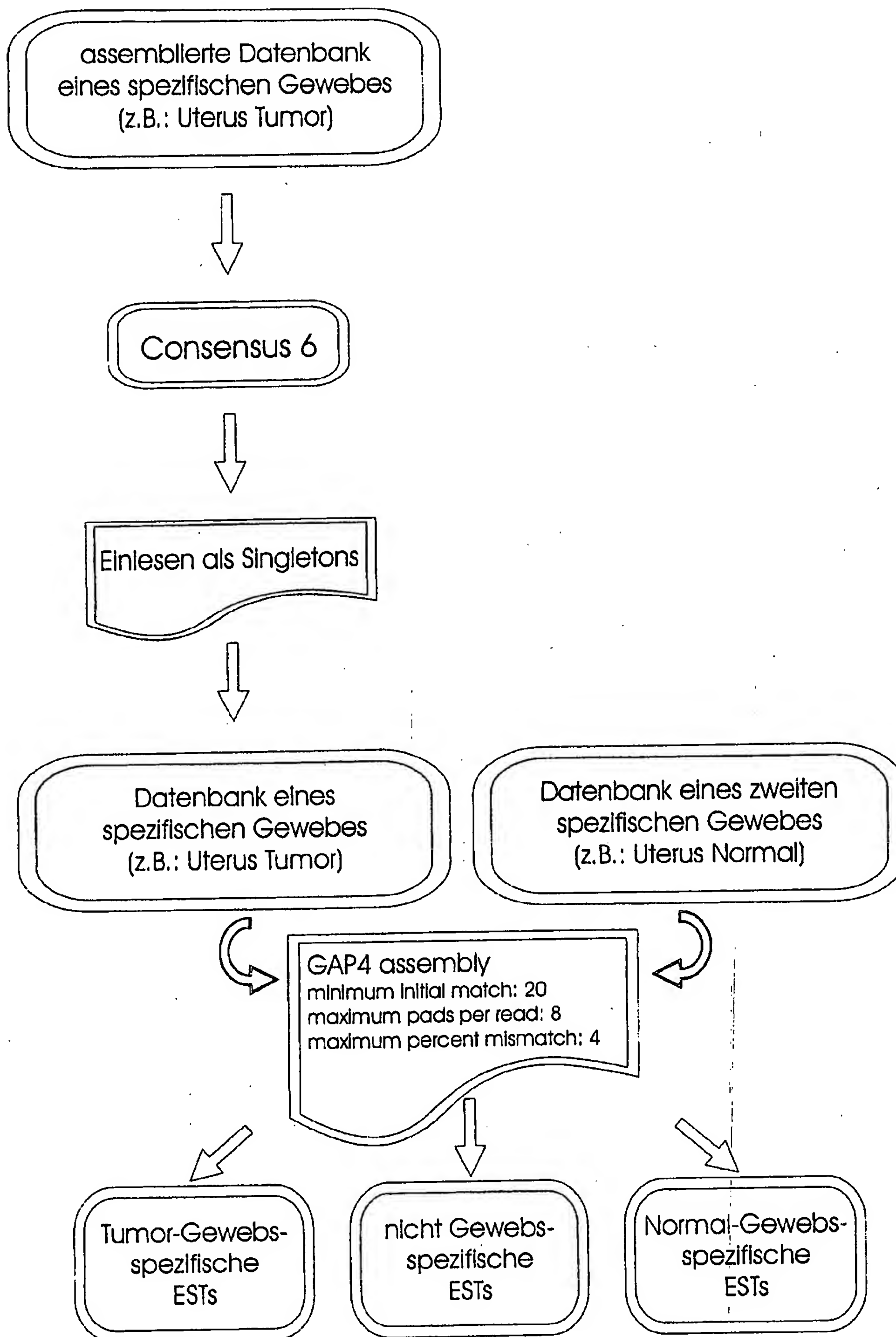


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

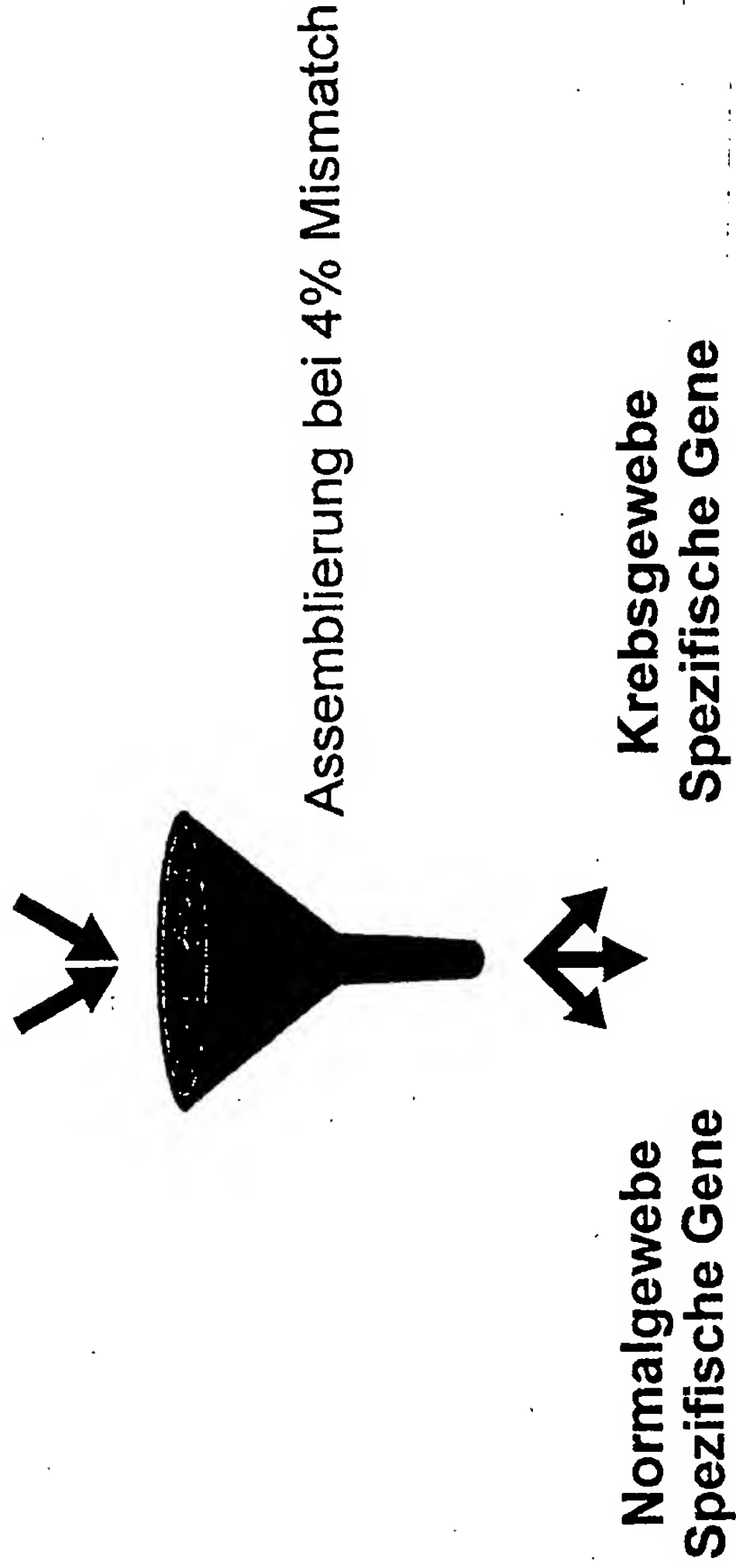


Fig. 3

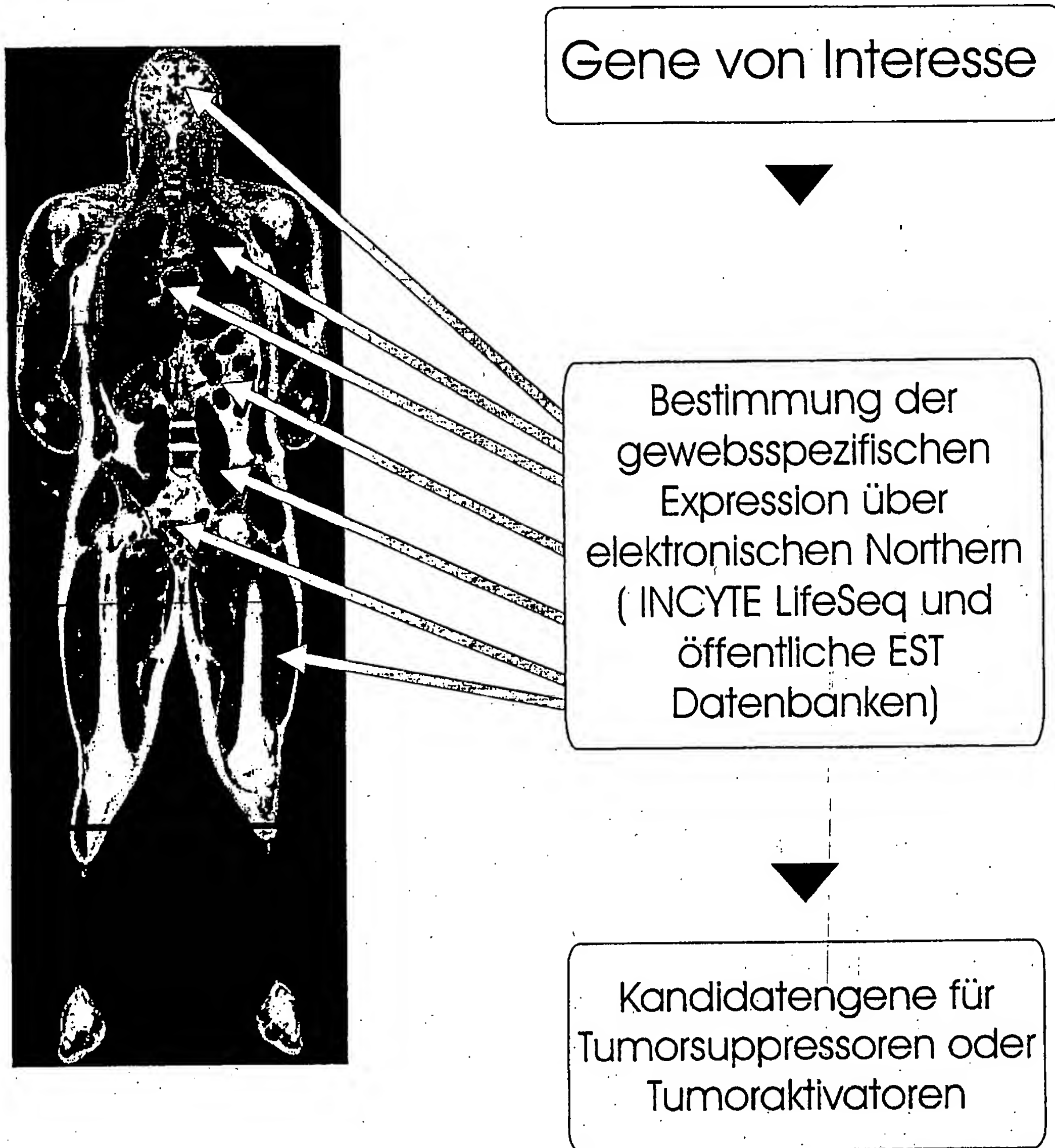


Fig. 4a

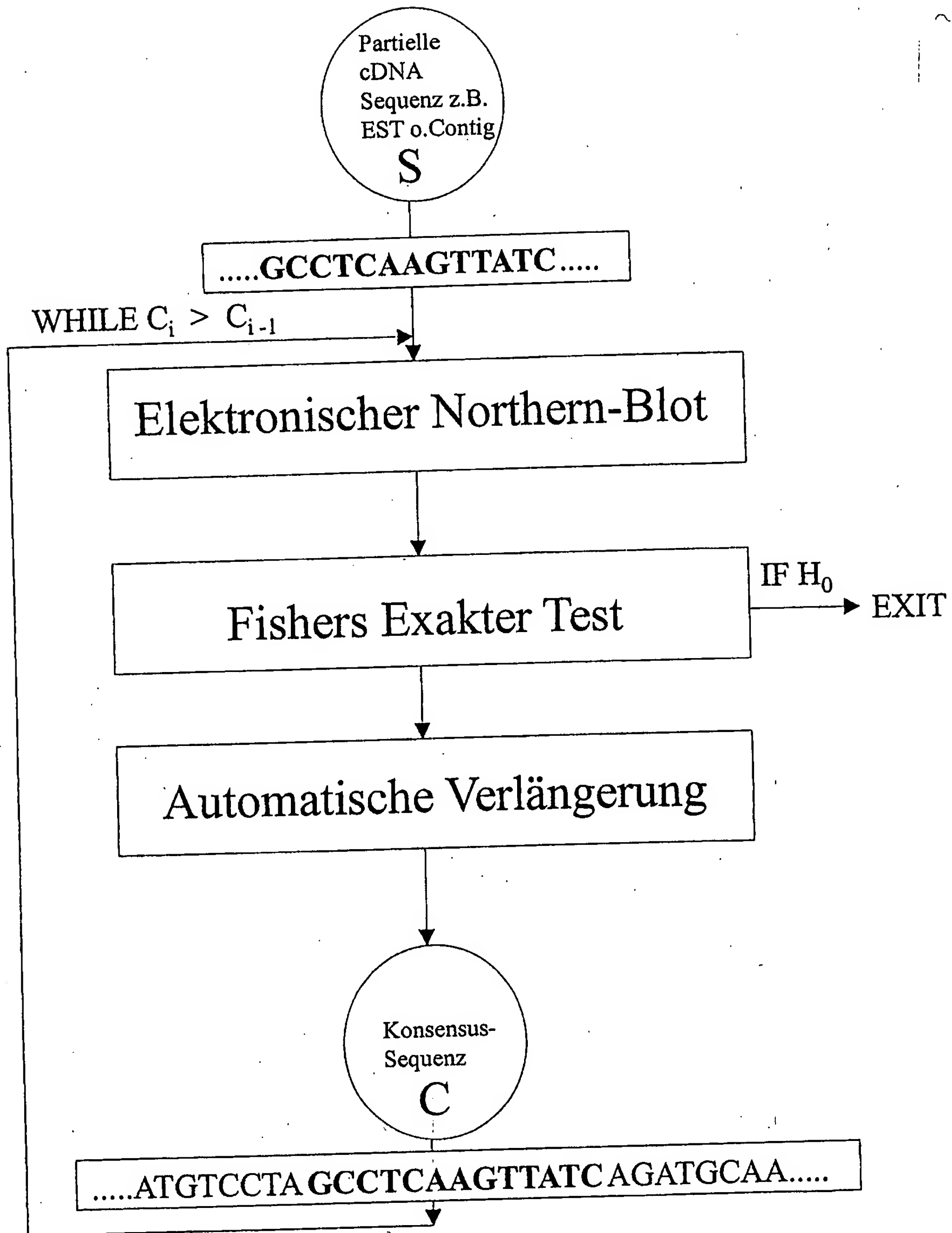


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☒ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:**

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.